

Atty. Docket: PF-0731 USA Ser. No.: 09/965,529

Reference # 2

(9) BUNDESREPUBLIK **DEUTSCHLAND**



DEUTSCHES PATENT- UND **MARKENAMT**

® Off nlegungsschrift (9) Int. Cl. 5: _® DE 198 18 620 A 1

(21) Aktenzeichen:

198 18 620.7

(2) Anmeldetag: (43) Offenlegungstag: 21. 4.98

28. 10. 99

C 07 K 16/00

C 07 K 14/435 A 61 K 38/17 C 07 H 21/04 C 12 N 15/11 C 12 N 15/63 C 12 N 1/21 C 12 N 1/19 C 12 N 5/10 // (C12N 1/21,C12R 1:19)G01N 33/68, 33/15

(7) Anmelder:

metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH, 14195 Berlin, DE

(74) Vertreter:

Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505 Berlin

(72) Erfinder:

Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE; Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann, Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr., 14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532 Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal
- Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenormalgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Beschreibung

davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwen-Die Erfindung betrifft menschliche Mukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasentumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bis-Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen,

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker artigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise pression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösgen auf das Expressionsmusier in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unier- oder Überexpression, aber auch Extanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkun-Identifikation solcher Gene wäre ein wesenliicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der sponwobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die

führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung. her verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,

pMSG, pSVL (Pharmacia).

wendet werden können.

sense Orientierung eingefügt sein.

webe ethöht exprimien sind.

sentumor eine Rolle spielen.

mologie zu einer humanen Mukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

pMT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOC44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, escript SK, pBs KS, pMH8a, pMH16a, pMH18a, pMH46a (Suatagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, \$XI74, pBlu-

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die ver-

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp,

Die Erfindung betrifft femer Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Se-

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasennormalge-

c) eine Mukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Mukleinsäure-Sequenzen ist.

komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Ho-Die Erfindung betrifft weiterhin eine Mukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24–127 oder eine

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127. Die Ersnaung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Bladurch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt. gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 22 und Fig. 3). weiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem je-

erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation ster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muverschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind derspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen wiexprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)

wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antiquenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, pressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Mukleinsäure-Se-Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 Können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Ex-

vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondete eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

quenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1–127 hybridisieren.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Aukleinsäure-Sequenzen

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128–390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 128–390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128–390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1–127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 128–390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasentumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein. Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1–127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1–127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

65

60

5

15

20

35

DE 168 18 620 ¥ I

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northem.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

SÞ

51

- Die nachfolgenden Beispiele erläutem die Herstellung der erfindungsgemäßen Mukleinsäure-Sequenzen, ohne die Er-Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
- findung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

I laiqsiad

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten. Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß zen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenübrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und quenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Setigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Conread und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAPA-Datenbank aufgenommenen Sequenzen hiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extra-

ander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher Die so assemblierten Sequenzen det jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms mitein-Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der die für das erste dzw. das zweite Gewede spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

kodierende Regionen untersucht. setzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Überben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Gewefünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

50 Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b). Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen

2.1 Elektronischer Northem-Blot

Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northem-Blot beordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) D. J. (1988) Proc. Matl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben ge-Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines

1.1.2

Das Ergebnis ist wie folgt: normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt. Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2. x stärker im

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

| Blase | NORMAL %Haeufigkeit 0.0312 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 | 12.203 0.0819 | 5 |
|---------------------------------------|----------------------------------|---------------------------------|--------------------------------|----|
| | 0.0064 | 0.0056 | 1.1342 0.8817 | _ |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0156 | 0.3838 2.6058 0.3396 2.9444 | |
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | | 0.0201 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gastrointestinai Gehirn | | 0.0226 | 0.4909 2.0372 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0379 | 0.2823 3.5422 | |
| | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0053 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0173 | 0.0234 | 0.7380 1.3551 | 13 |
| Lunge | 0.0083 | 0.0184 | 0.4516 2.2144 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0230 | 0.0000 undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0120 | 0.9994 1.0006 | |
| | 0.0081 | 0.0274 | 0.2974 3.3626 | 20 |
| Pankreas | | 0.0110 | 0.7479 1.3371 | |
| Penis Prostata | 0.0120 | 0.0000 0.0106 | undef 0.0000 0.4095 2.4423 | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0204 | 0.7482 1.3366 | |
| Uterus allgemein | | (.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasia | | (.0.00 | under o.oco | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| • | | | | |
| | FOETUS | | | 35 |
| Burkerê alilara - | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | • | 40 |
| Hepatisch | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0253 | | | |
| Nebenniere | 0.0507 | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0377 | | | |
| | | | | 50 |
| | NORMIERTE/SU | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | | | | |
| | 0.0035 | | • | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | 0.01/1 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | 60 |
| | 0.0082 | | | |
| | 0.0082 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | | | | 65 |
| | | | | |

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

DE 188 18 620 V I

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: $\ensuremath{\mathtt{Z}}$

| | | | 710010 | "-CD 7220 | 59 |
|----------------|---------|------------------------|--------------|---|------------|
| | | | 2,000.0 | Sinnesorgane Lerus_n | |
| | | | | Prostata | |
| | | | 0100.0 | | |
| | | | 0000.0 | | |
| • | | | 0000.0 | | 09 |
| | | | | Haut-Muskel | |
| | | | 0000.0 | Haematopoetisch | |
| | | | | Gastrointestinal | |
| | | | 0.0012 | Foetal | |
| | | | 0.000 | Endokrines Gewebe | SS |
| | | | | Eierstock_t | |
| | | : | | Eierstock_n | |
| | | | 8900.0 | tsuid | |
| | | | %Haeufigkeit | | 00 |
| KEN | BLIOTHE | BTRAHIERTE BI | NORMIERTE/SU | | os |
| | | • | | _ | |
| | | | | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | Placenta | SÞ |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | Nebenniere | |
| | | | 9£00.0 | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | | Hepatisch | |
| | | | 0000.0 | | 07 |
| | | 1 | | Haematopoetisch | |
| • | | | | Gehira | |
| | | | | Gastrointenstinal | |
| | | | | Entwicklung | 32 |
| | | | %Haeufigkeit | | 36 |
| | | | FOETUS | | |
| | | | | • | |
| | | | 0000 | Zervix | |
| | | | 0.0052 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | | Sinnesorgane | |
| | | | 0000.0 | Samenblase | |
| | | | 0.0030 | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | · \$900°0 | Brust-Hyperplasie | C 7 |
| 0000.0 | | 00000 | 1500.0 | Oceans sligemein | 57 |
| | laban | 0000.0 | 0000.0 | Uterus Endometrium Uterus Myometrium | |
| | nudeí | 0000.0 | | sisisorq muintamobal suratu | |
| 0.5862 | | 7920.0 0.0064 | 0.0120 | | |
| 8242.E. | | 2200.0 | 1100.0 | Pankreas | 70 |
| 2.5219 | | 8900.0 | 7200.0 | | UC |
| 0127.1 | | 0900.0 | £00.0 | Muskel-Skelett | |
| | undef | 0000.0 | 0000.0 | Magen-Speiseroehre | |
| 1.1810 | | 1900.0 | 2200.0 | Punde | |
| 0.000 | nuget | 0000.0 | 8200.0 | иәрон | SI |
| 0000.0 | | 0000.0 | 2500.0 | | |
| lebnu | labau | 0000-0 | | Hepatisch | |
| 0.000 | | 0000.0 | \$810°0 | Jush | |
| | lebnu | 0000.0 | | Haematopoetisch | |
| 2.7779 | | 0.0021 | | mide2 | 01 |
| 1.2072 | | 9,00.0 | 8500.0 | Gastrointestinal | |
| 0000.0 | | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| - | Japun | 0000.0 | 000000 | Duenndarm Eierstock | |
| 0000.0 | | 0000.0 | 0.010 | | |
| \$73E.0 | | 0.0038 | 7970.0 | | ς |
| и\т 0.1380 | | %Haeufigkeit 0.0102 | | | |
| trnisse γγν | | TUMOR | NORMAL | | |
| ; 44[| | GOMPH TO MANAGE | TUNGON | | |

| Brust | 0.0585 0.0064 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0153 0.0000 | 3.8136 undef | T/N 0.2622 0.0000 | 5 |
|--|--------------------------------------|--|---|-------------------------------------|----|
| Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn | 0.0000 0.0204 0.0077 0.0059 | 0.0000 0.0026 0.0100 0.0046 0.0092 | undef 0.0000 2.0377 1.6567 0.6400 | undef 0.4907 0.6036 1.5626 | 10 |
| Hepatisch Herz | 0.0073 0.0000 0.0085 | 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 | undef undef 0.0000 undef | 0.0000 undef 0.0000 | 15 |
| Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 0.0020 0.0000 0.0000 | undef 5.0803 undef undef | 0.1968 undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0060 | 0.0068 0.0000 0.0000 0.0362 | 3.1722 undef undef 1.8064 | undef 0.0000 0.5536 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 0.0076 0.0000 | 0.0000 0.0204 0.1908 | undef 0.3741 0.0000 | 2.6732 | 25 |
| Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | 0.0803 0.0178 0.0000 | | , | | 30 |
| | 0.0106 | · | | | |
| Entwicklung Gastrointenstinal | %Haeufigkeit 0.0139 0.0083 | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch | 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere Niere | 0.0000 0.0000 0.0124 | | | | 45 |
| Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | %Haeufigkeit 0.0000 | BTRAHIERTE BI | BLIOTHE | KEN | 50 |
| | 0.0000 0.0000 0.0128 | | | | 55 |
| | 0.0000 0.0162 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | 65 |
| 0.001.00 | - | | | | |

```
Uterus_n 0.0000
                                                                  59
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Nerven 0.0000
                                 0000.0 spmJ
                                 0000.0 пэрон
                                                                  09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0000
                                 Foetal 0.0000
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                  SS
                                 Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
                                 Brust 0.0000
                           8Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  05
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                  SÞ
                                 Miere 0.0000
                                 Mebenniere 0.0000
                                 Lunge 0.0000
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                 Hepatisch 0.0000
                                                                  07
                                 Maut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0000
                                 Entwicklung 0.0000
                           $Haeufigkeit
                                                                  32
                                 FOETUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                                  30
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                 Brust-Hyperplasie 0.0000
 nudef undef
                    0.000
                                 Uterus_allgemein 0.0000
                                                                  52
 jəpun jəpun
                    0000.0
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
 lebnu lebnu
                    0.000
 undef undef
                    0.000
                                 Prostata 0.0000
 undef undef
                    0.000
                                 Penis 0.0000
 Jəpun Jəpun
                   0000.0
                                 Pankreas 0.0000
                                                                 70
 Jabnu labnu
                                 Miere 0.0000
 labau labau
                    0.000
                                 Muskel-Skelett 0.0000
 Jəpun Jəpun
                    0000.0
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
 Jabnu labnu
                    0000.0
                                 10000.0 april
 Jabnu labnu
                   0000.0
                                 0000.0 nsboH
                                                                 51
                   0000.0
 Jabnu labnu
                                 Herz 0.0000
. lebnu lebnu
                   0000.0
                                 Hepatisch 0.0000
undef 0.0000
                   0.000
                                 Haut 0.0037
 Jəpun Jəpun
                   0000.0
                                 Haematopoetisch 0.0000
 19bnu 0000.0
                                 Gehirn 0.0000
                   0.0010
                                                                 01
 Jəpun Jəpun
                   0000.0
                                 Gastrointestinal 0.0000
 lebnu lebnu
                   0000.0
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
 labnu labnu
                    0.000
                                 Eierstock 0.0000
 Jəpun Jəpun
                    0.000
                                 Duenndarm 0.0000
 Jaban Jaban
                    0.000
                                 Brust 0.0000
0000.0 lebnu
                   0.000
                                 Blase 0.0351
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   N/T
Verhaeltnisse
                    ROMUT
                                 NORMAL
```

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|--------------|------------------|-------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| | 0.0077 | 0.0075 | 1.0208 0.9796 | |
| Duenndarm | | 0.0165 | 0.5561 1.7982 | |
| Eierstock | | 0.0182 | 0.8223 1.2161 | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0025 | 2.0377 0.4907 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | | 0.0072 | 1.1314 0.8839 undef 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 0.2542 | 0.0144 69.2517 | |
| Hepatisch | | 0.0065 | 0.7353 1.3600 | |
| | 0.0042 | 0.0005 | 0.1542 6.4853 | |
| | 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 1.4763 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | | 0.0110 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 4.4517 | |
| Prostata | | 0.0085 | 0.7677 1.3026 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 23 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0106 | | | 20 |
| Zervix | 0.0100 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | | | |
| | 0.0125 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| Niere Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Pracenta | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| SimeSorgane | 0.0201 | | | |
| | | | | 50 |
| | | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0136 | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock_t | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | | | | 23 |
| | 0.0105 | | | |
| Gastrointestinal Haematopoetisch | | • | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0239 | | | 60 |
| | 0.0164 | | | |
| | 0.0120 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | | | | 65 |
| - | | | | |

```
Uterus_n 0.0208
                                                                        59
                                        Sinnesorgane 0.0000
                                        Prostata 0.0000
                                        Nerven 0.0151
                                        Lunge 0.0000
                                        0000.0 naboH
                                                                        09
                                        Haut-Muskel 0.0194
                                        Haematopoetisch 0.0000
                                        Gastrointestinal 0.0000
                                        Foetal 0.0116
                                        Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                        ςς
                                        Eierstock_t 0.0101
                                        Eierstock_n 0.0000
                                        Brust 0.0272
                                  $Haeufigkeit
          NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                        05
                                        Sinnesorgane 0.0251
                                        Prostata 0.0000
                                        Placenta 0.0000
                                                                        SÞ
                                        Niere 0.0000
                                        Nebenniere 0.0000
                                       Lunge 0.0036
                                        Herz-Blutgefaesse 0.0498
                                        Hepatisch 0.0000
                                                                        01
                                       Maut 0.0000
                                       Haematopoetisch 0.0000
                                       Gehirn 0.0000
                                       Gastrointenstinal 0.0028
                                       Entwicklung 0.0557
                                  &Haeufigkeit
                                                                        Sε
                                       FOETUS
                                       Zervix 0.0319
                                        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                        Sinnesorgane 0.0000
                                       Samenblase 0.0089
                                       Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                       Brust-Hyperplasie 0.1087
       lebnu lebnu
                          0000.0
                                       Uterus_allgemein 0.0000
      0000.0 lebnu
                          0000.0
                                       Uterus_Myometrium 0.0381
      0000.0 lebnu
                                       Uterus_Endometrium 0.0270
                          0000.0
      0.6824 1.4654
                          ₱900.0
                                       Prostata 0.0044
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       Denis 0.0090
       lebnu lebnu
                          0.000
                                       Pankreas 0.0000
                                                                        07
      undef 0.0000
                          0000.0
                                       Niere 0.0516
      71583 2.3347
                          0.0240
                                       Muskel-Skelett 0.0103
       nudef undef
                          0000.0
                                       Magen-Speiseroehre 0.0000
      undef 0.0000
                          0.0000
                                       Lunge 0.0021
      0.4920 2.0326
                          TIIO.0
                                       8200.0 nsboH
                                                                        51
      undef 0.0000
                          0.000
                                       Merz 0.0074
      2.2059 0.4533.
                          2900.0
                                       Hepatisch 0.0143
      0000.0 lebru
                          0.000
                                       №820.0 JusH
      0000.0 lebnu
                          0000.0
                                       Haematopoetisch 0.0013
      undef 0.0000
0.7200 1.3890
                          2700.0
                                       Gehirn 0.0052
                                                                        01
                          0.000
                                       Gastrointestinal 0.0038
      2.3774 0.4206
                          0500.0
                                       Endokrines_Gewebe 0.0119
       1.0000 undef
                          0.0052
                                       Eierstock 0.0000
      E763.2 TOTE.0
                          1680.0
                                       Duenndarm 0.0123
      8.1663 0.1225
                          9500.0
                                       Brust 0.0460
                                                                        ς
9590.0
            12.2544
                          9200.0
                                       Blase 0.0390
               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
         N/L
      Verhaeltnisse
                           ROMUT
                                       NORMAL
```

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | 0.0351 0.0051 0.0000 0.0060 0.0034 0.0057 0.0044 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0038 0.0000 0.0000 0.0000 0.0046 0.0000 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N 13.7290 0.0728 1.3611 0.7347 undef undef undef 0.0000 undef 0.0000 1.2425 0.8048 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 | 5 |
|---|--|---|---|----|
| Hepatisch Herz Hoden Lunge | 0.0021 0.0000 0.0021 | 0.0000 0.0000 0.0137 0.0117 0.0020 | undef undef undef 0.0000 0.1542 6.4853 0.0000 undef 1.0161 0.9842 | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0017 0.0000 0.0000 0.0030 0.0044 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0055 0.0000 0.0021 | undef undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 2.0473 0.4885 undef 0.0000 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 0.0000 0.0051 0.0032 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef 0.0000 | 25 |
| Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0000 | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0062 0.0061 0.0000 | | | 45 |
| | NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit | BTRAHIERTE BIE | SLIOTHEKEN | 50 |
| Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0047 0.0000 | | | 55 |
| Haut-Muskel Hoden | 0.0065 0.0000 0.0000 | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

DE 188 18 650 V I

| | | 0000.0 0.0000.0 0.0032 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | S9 09 |
|--|--|--|---|----------|
| | · | 0000.0 0000.0 | Brust Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal | SS |
| PLIOTHEKEN | TRAHIERTE BIE | NORMIERTE/SUB | | 90 |
| | · | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere | St |
| | | 0000.0 6£00.0 0000.0 0000.0 | rridəð Haematopoetisch Haut Hepatisch | 04 |
| | | | Entwicklung Gastrointenstinal | SE |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| 1.5354 0.6513 undef undef undef undef undef | 6400.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 600.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Uterus allgemein Brust-Hyperplasie | 57 |
| 0.2991 3.3428 | 00000 | | bankreas | 50 |
| 1ebru 1ebru 0000.0 1ebru 0000.0 1ebru 1ebru 1ebru 1ebru 0000.0 1ebru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 2,000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre | ŞI |
| 19bnu 0000.0 19bnu 0000.0 19bnu 19bnu | 0000.0 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.000 0.0034 0.000 0.0002 0.0000 | Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch | 01 |
| undef 0.0000 0.6805 1.4694 | 0000.0 | 0.0013 0.0234 0.0034 | Brust | S |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----------------------------------|--|------------------|--------------------------------|----|
| | | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 0.0936 | 5 |
| | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 0.7347 | |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock Endokrines Gewebe | | 0.0052 | 1.1513 0.8686 | |
| Gastrointestinal | | • | undef 0.0000 | |
| Gastionntestinar Gehirn | | 0.0046 0.0051 | 0.8283 1.2072 0.7200 1.3890 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0379 | 0.0000 undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| _ | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 undef | 15 |
| | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 0.4921 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8567 1.1673 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 undef | |
| Prostata | | 0.0085 | 0.0000 undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| _Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | 20 |
| Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0052 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | | • | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| | | | | |
| | 110BUTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT | | | 50 |
| | • • • | BTRAHIERTE BIE | LIOTHEKEN | 30 |
| D- | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n Eierstock t | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | 55 |
| Foetal | | | | |
| Gastrointestinal | | • | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Nerven | | | | |
| Nerven Prostata | 0.0040 | | | |
| | 0.0040 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0040 0.0000 0.0000 | | | 65 |

DE 188 18 620 V I

| | | 6800.0 | ncerus_n | 59 |
|------------------------------|------------------|----------------|---------------------------------------|----|
| | | | Sinnesorgane | |
| | | 0000.0 | Prostata | |
| | | | Nerven | |
| | | 2800.0 | | |
| | | 7700.0 | | 09 |
| | | | Haematopoetisch Haut-Muskel | |
| | | | Gastronntest | |
| | | | Foetal | |
| | | | Eudokrines Gewebe | SS |
| | | 0.0203 | Eierstock_t | 33 |
| | | 0000.0 | Eierstock_n | |
| | | 2720.0 | Brust | |
| | | åHaeufigkeit | | |
| PIOTHEKEN | GIG STASIHART | NORMIERTE/SUB | | 05 |
| | | | | |
| | | 0210.0 | Sinnesorgane | |
| | | | Prostata | |
| | | | Placenta | |
| | | 0.0124 | | 57 |
| | | | Иерепліеге | |
| | | 0000.0 | | |
| | • | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | Нератізсл | |
| | | 0000.0 | | 07 |
| | | | Наематороетізсь | |
| | | | Gehirn | |
| | | | Entwicklung Gastrointenstinal | |
| | | % Haeufigkeit | pau (42 iwtag | 32 |
| | | FOETUS | | 36 |
| | | Simaoa | | |
| | | | | |
| | | 0.000 | Xèvisz | |
| | | 7100.0 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Samenblase | |
| | | | Prostata-Hyperplasie | |
| jəpun jəpun | 0000:0 | | Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | |
| 1.1223 0.8911 | 8900.0 0000.0 | | Uterus_Myometrium | 52 |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Uterus Endometrium | |
| 1.0236 0.9769 | 2800.0 | | Prostata | |
| 0000.0 leban | 0000.0 | 0600.0 | | |
| Jabau Jabau | 0000-0 | | Pankreas Fankreas | 70 |
| 0.7930 1.2610 | 8900.0 | ₽900.0 | | UC |
| 0.2856 3.5020 | 0900.0 | | Wuskel-Skelett | |
| 19bnu 0000.0 | 7700.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| £974 1.4763.0 | 1900.0 | 2,0042 | | |
| 0.4920 2.0326 | 7110.0 | 8200.0 | | 51 |
| 0000.0 lebru | 0000 | ₽ 700.0 | | |
| Jebru lebru | 0000.0 | | Нератівсь | |
| 0000.0 labau 0000.0 labau | 0000.0 | 7500.0 | Haematopoetisch | |
| S111.1 6668.0 | I\$00.0 | | niidə HanatodotamaaH | |
| 0.8283 1.2072 | 9¥00.0 | | Gastrointestinal | 10 |
| 2274.1 2678.0 | 0500.0 | | Endokrines Gewebe | |
| 2787.1 3872.0 | 2200.0 | | Eierstock | |
| £763.2 TOTE.0 | 5910.0 | | Duenndarm | |
| 3.0624 0.3265 | 8£00.0 | SIIO.0 | | _ |
| £781.0 16££.2 | 1200.0 | £720.0 | Blase | ς |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | TAMAON | | |
| | | | | |

| | | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0019 0.0000 0.0104 | Verhaelt N/T T 7.6272 0 2.7221 0 undef 0 0.2878 3 | r/N).1311).3674).0000 | 5 |
|--|--|---|--|--|----|
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut | 0.0221 0.0057 0.0074 0.0040 0.0110 | 0.0226 0.0231 0.0082 0.0000 0.0000 | 0.9811 1 0.2485 4 0.8999 1 undef 0 | 1.0192 4.0241 1.1112 0.0000 0.0000 | 10 |
| Hoden | 0.0074 0.0000 0.0062 | 0.0259 0.0137 0.0000 0.0082 0.0000 | 0.0000 u 0.5397 1 undef u 0.7621 1 undef u | 1.8529 undef 1.3122 | 15 |
| Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0136 0.0066 0.0120 0.0131 | 0.0000 0.0137 0.0110 0.0000 0.0043 | undef u 0.9913 1 0.5983 1 undef 0 3.0709 0 | undef 1.0088 1.6714 0.0000 0.3256 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0051 0.0096 0.0089 | 0.0000 0.0068 0.0000 | undef 0 0.0000 u undef 0 | undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0056 | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0185 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| | | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEK | ŒN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0099 | | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 | | | | 60 |
| Prostata Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 0.0077 | | | | 65 |

DE 188 18 620 V I

| | | 0.0000 0.0301 0.0301 0.0000 0.0162 0.0000 0.0162 | | 59 09 55 |
|--|----------------------------|--|---|----------------|
| TIOLHEKEN | TRAHIERTE BIBI | NORMIERTE/SUB | | 05 |
| | | 0.0250 0.0063 0.0000 0.0036 0.0108 0.0185 0.0185 0.0000 | Herz-Blutgefaesse Lunge Herz-Blutgefaesse Hepatisch | S\$ ΟΦ |
| | | 2170.0 8110.0 7800.0 | Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| 0000.0 labnu 1.4136.0.7074 0.0000 3.3668.0.2970 0000.0 labnu | 7440.0 0000.0 8900.0 | 0.0135 0.0306 0.0306 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 57 |
| 0.7977 1.2536 | 9910.0 | 0.0132 | Pankreas | 50 |
| 0.9454 1.0578 0.5235 1.9102 0.3965 2.5219 | | | Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre | |
| 2.3497 0.4256 | ₽9T0.0 | 1860.0 | Pnnge | |
| 1.5034 0.6652 0000.0 lebnu | 5720.0 0.000.0 | 8200.0 | | SI |
| 2.9412 0.3400 | 0.0129 | 1850.0 | Нератіясь | |
| 0000.0 labnu 0000.0 labnu | 0000.0 | \$150.0 | Haematopoetisch Haut | |
| \$276.1 S002.0 | LS90.0 | £££0.0 | Gehirn | 01 |
| 1.6496 0.3894 | 0.0176 0.0231 | | Endokrines Gewebe Gastrointestinal | 01 |
| 1022.1 9723.0 | 2810.0 | | Eierstock | |
| \$665.0 £899.1 | 910.0 | - | Duenndarm | |
| 2.3971 0.4172 1.2854 0.7779 | 8250.0 8250.0 | 8280.0 2540.0 | | ς |
| | %Haeufigkeit | | | - |
| Verhaeltnisse | ROMUT | NORMAL | | |

| | | TUMOR %Haeufigkeit 0.0077 0.0075 0.0165 0.0000 | Verhaeltniss N/T T/N 6.1018 0.1639 3.9130 0.2556 1.1122 0.8991 undef 0.0000 |) 5 | 5 |
|--|--|---|--|-------------|----|
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch | 0.0085 0.0192 0.0059 0.0013 0.0808 | 0.0050 0.0000 0.0062 0.0000 0.0000 | 1.6981 0.5889 undef 0.0000 0.9599 1.0417 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef |) ;) | 10 |
| Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0540 0.0000 0.0156 0.0193 | 0.0000 0.0000 0.0082 0.0077 | undef 0.0000 undef undef 1.9051 0.5249 2.5211 0.3967 |) | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0000 0.1587 0.0087 | 0.0000 0.0274 0.0055 0.0000 0.0106 | undef 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef undef 0.0000 0.8189 1.2211 |) L | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0457 0.0357 0.0160 0.0208 | 0.0000 0.0272 0.0000 | undef 0.0000 1.6834 0.5940 undef 0.0000 |) | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0167 | | | | 35 |
| Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0062 0.0000 0.0249 | | | | 45 |
| | %Haeufigkeit | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0029 0.0244 | | | | 55 |
| Lunge Nerven | 0.0032 0.0309 0.0082 0.0090 | | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0077 | • | | | 65 |

DE 188 18 970 V I

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

8270.0

| | | 5820.0 | Uterus_n | S 9 |
|-------------------------------|------------------|------------------------|--------------------------------------|------------|
| | | | Sinnesorgane | |
| | | 0000.0 | Prostata | |
| | | | Netaen | |
| | | 0000.0 | | |
| | | 0000.0 | | 09 |
| | | | Haut-Muskel | |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | 0.0244 | Gastrointestinal | |
| | | | Foetal | |
| | | | Eierstock_t Endokrines_Gewebe | SS |
| | | | Eierstock n | |
| | | 9610.0 | | |
| | | 8Haeufigkeit 0 0126 | 40 | |
| TIOLHEKEN | TRAHIERTE BIB | NORMIERTE/SUB | | |
| | | and, and and and on | | 90 |
| | | | | |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Prostata | |
| | | 2900.0 | Placenta | SÞ |
| | | | Nebenniere | |
| | | 0000.0 | | |
| | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | Hepatisch | |
| | | 0000.0 | | 07 |
| | | | Наематороетівсь | |
| | | 0000.0 | Серітп | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | 0.000 | Entwicklung | |
| | | 8Haeufigkeit | | 32 |
| | | FOETUS | | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | Zervix | |
| | | | Mersse Bluckoerperchen | 30 |
| | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | Samenblase | |
| | | | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | Brust-Hyperplasie | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Uterus_allgemein | 72 |
| 0000.0 lebmu | | | Uterus_Myometrium | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | | Uterus Endometrium | |
| \$261.0 1811.8 | 0.0043 | | Prostata | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Penis | |
| 0.3965 2.5219 undef 0.0000 | 0000.0 | | Бапктеа | 70 |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 8900.0 | 7200.0 | | |
| 0000.0 leban | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | |
| 3.3022 0.3028 | 1400.0 | 0.0135 | _ | |
| Jebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 9685.0 1969.1 | 7E10.0 | 0.0233 | | 51 |
| 0.7353 1.3600. | 2900.0 | | Hepatisch | |
| 0000.0 leban | 0000.0 | ε700.0 2100.0 | | |
| labnu labnu | 0000.0 | | Наематороетіясь | |
| Japun Japun | .0000.0 | 0000.0 | | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Gastrointestinal | 01 |
| 7064.0 TTEO.S | 0.0025 | | Eudokrines Gewebe | |
| 3.4538 0.2895 | 0.0026 | | Ejerstock | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Duenndarm | |
| TAET.O LLBE.L | S700.0 | 0.0102 | | |
| 13.7290 0 | 0.0026 | 0.0351 | | ς |
| | %Haeufigkeit | &Haeufigkeit | | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | NORMAL | | |
| | _ | | | |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---|--|---------------|-------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| | 0.1209 | 0.0383 | 3.1526 0.3172 | 5 |
| | 0.0333 | 0.0338 | 0.9830 1.0173 | |
| Duenndarm | | 0.0662 | 0.3244 3.0827 | |
| Eierstock | | 0.0234 | 0.7675 1.3029 | |
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | | 0.0802 | 0.5731 1.7448 | |
| | 0.0096 | 0.0231 | 0.4142 2.4145 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.2382 | 0.6144 1.6275 undef 0.0000 | |
| | 0.0551 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.2006 | 0.4507 2.2189. | |
| | 0.0307 | 0.1924 | 0.1597 6.2617 | |
| | 0.0345 | 0.0234 | 1.4759 0.6775 | 15 |
| | 0.0177 | 0.0286 | 0.6169 1.6210 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0460 | 0.4202 2.3799 | |
| Muskel-Skelett | 0.0891 | 0.0240 | 3.7122 0.2694 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0411 | 0.1983 5.0439 | |
| Pankreas | 0.0248 | 0.0331 | 0.7479 1.3371 | 20 |
| Penis | 0.0689 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0106 | 3.0709 0.3256 | |
| Uterus_Endometrium | | 0.1583 | 0.1707 5.8579 | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0408 | 0.3741 2.6732 | |
| Uterus_allgemein | | 0.0954 | 0.9074 1.1021 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | | | | |
| — | 0.0426 | | | 30 |
| Zelvix | 0.0426 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | _ | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 70 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0185 | | | 45 |
| Placenta | | | | .5 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | | | | 50 |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| | NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Brust Eierstock_n | %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock n Eierstock t Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 0.0000 0.0000 0.0164 0.0100 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 0.0000 0.0000 0.0164 0.0100 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock n Eierstock t Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0244 0.0057 0.0000 0.0000 0.0164 0.0100 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |

DE 188 18 620 Y I

| | | | Uterus_n | 59 |
|-------------------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|-----------|
| | | | Sinnesorgane | |
| | | 0.0442 0.0274 | Prostata | |
| | | 2800.0 | | |
| | | 0000.0 | | 09 |
| | | | Haut-Muskel | |
| | | | Наетатороетізсь | |
| | | | Foetal Gastrointestinal | |
| | | | Endokrines Gewebe | çç |
| | | | Eierstock | 33 |
| | | 0000.0 | Eierstock_n | |
| | | 0000.0 | Brust | |
| | | %Haeufigkeit | | |
| BL.TOTHEKEN | IS STRAHIERTE BI | IIP\ TTGTIMGON | | 05 |
| | | | | |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Prostata | |
| | | 2900.0 1210.0 | ручения | SÞ |
| | | | Mebenniere Nebenniere | |
| | | 0.0253 | | |
| | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | Hepatisch | Λ. |
| | | 0000.0 | | 01 |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointenstinsl Gehirn | |
| | | | Entwicklung | |
| | | £Haeufigkeit | | 32 |
| | | EOETUS | | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | Zervix | |
| | | £710.0 | Meisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | 0000.0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase | |
| | | 9600.0 | Brust-Hyperplasie | |
| nuqeį nuqeį | 0000.0 | 0000.0 | Oferns_allgemein | 52 |
| 2.2445 0.4455 | 8900.0 | 0.0152 | Uterus_Myometrium | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 0.0203 | Uterus_Endometrium | |
| 1.3648 0.7327 | 0.0128 | | Prostata | |
| 0000.0 labau | 8200.0 0000.0 | 6600.0 | Бапктеаз Репіз | |
| 1788.0 8487.1 | 7£10.0 | 6910.0 | Иіете | 70 |
| £002.0 6899.1 | 0.0120 | | Wиskel-Skelett | |
| 3.7816 0.2644 | rr00.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| 1.0161 0.9842 | \$9T0.0 | | rnude | |
| 0000.0 laban | 0000.0 | | иэрон | 51 |
| 0.5011 1.9955 | 0.000.0 2720.0 | 0.0138 | Hepatisch | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | 7£00.0 | | |
| 0000.0 lebru | 0000.0 | ≱600.0 | Наематороетіясл | |
| 4.0643 0.2460 | 0.0318 | 0.1294 | Gehirn | 01 |
| 9778.1 2SE2.0 | 0.0324 | 2710.0 | Gastrointestinal | U1 |
| 0.2953 3.3861 | LLS0:0 | | Endokrines_Gėwebe | |
| 1.2976 0.7707 1.0000 undef | 8700.0 | 0000°0 | Duenndarm Figerstock | |
| 1.8715 0.5343 | 2700.0 | | Brust | |
| TLEI.0 STSB. T | 1200.0 | 0650.0 | Blase (| ς |
| N/T T/N | ∦ΗαεαΓίαβκείτ | | | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | JAMAON | I | |
| | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

| | 0.0273 0.0307 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0038 0.0165 | 10.6781 0.0936 8.1663 0.1225 | 5 |
|--|--|--|--|----|
| Eierștock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | 0.0030 0.0000 0.0249 0.0015 | 0.0000 0.0025 0.0000 0.0010 0.0000 | 0.3707 2.6973 undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 1.4399 0.6945 undef 0.0000 | 10 |
| Haut Hepatisch Herz Hoden Lunge | 0.0367 0.0000 0.0148 0.0058 0.0062 | 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0020 | undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.0000 3.0482 0.3281 | 15 |
| Pankreas | 0.0274 0.0000 0.0050 0.0120 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0267 0.0000 | undef undef undef 0.0000 undef undef undef 0.0000 0.4493 2.2259 undef 0.0000 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0135 0.0229 0.0000 0.0288 | 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 undef 0.0000 undef undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0118 0.0000 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0039 0.0000 0.0000 0.0036 | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0062 0.0000 0.0000 | | | 45 |
| | NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit | TRAHIERTE BIBI | LIOTHEKEN | 50 |
| Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | 0.0000 0.0051 0.0000 0.0047 | | | 55 |
| Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 60 |
| Nerven Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 0.0000 | | | 65 |

DE 188 18 620 V I

| гготнекеи | зів зтязінаятє | #Haeufigkeit 0.0068 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0030 0.0030 0.0030 0.0030 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Haut-Muskel | \$9 09 \$\$ |
|---|--|--|--|-------------------|
| | | 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | S\$ Ο\$ S\$ |
| | | 0.000 0.000 0.000 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| undef 0.0000 1.4623 0.6838 undef 0.0000 0.4208 2.3761 undef 0.0000 | 0000.0 6410.0 0000.0 6420.0 0000.0 | 8900.0 6220.0 7040.0 2600.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 57 |
| madef 0.0000 madef madef 0.0000.0 madef madef madef 0.0000 madef madef madef madef madef madef | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 1200.0 0000.0 7100.0 | Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Miskel-Skelett Niere Pankreas | 51 |
| 19bnu labnu 2.0370 0.4907 2.4850 0.4024 0.7200 1.3890 nndef 0.0000 madef 0.0000 | 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 | 0000.0 1200.0 200.0 200.0 6100.0 0000.0 | Eierştock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Heut | 10 |
| Verhaeltnisse N/T T/N 2.5424 0.3933 undef 0.0000 2.2244 0.496 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0230 0.0000 0.0165 | 0.0585 0.0585 | | ς |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|--|--|-----------------------|-------------------------------|----------------|
| Blase | 0.0390 | 0.0128 | 3.0509 0.3278 | 5 |
| | 0.0153 | 0.0094 | 1.6333 0.6123 | 3 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0026 | 3.4538 0.2895 | |
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | | 0.0075 | 0.0000 undef | |
| | 0.0230 | 0.0093 0.0072 | 2.4850 0.4024 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0072 | 0.7200 1.3890 undef 0.0000 | |
| | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0259 | 0.5515 1.8133 | |
| - | | 0.0137 | 0.7710 1.2971 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 0.4921 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0153 | 5.6724 0.1763 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | | 0.0068 | 0.3965 2.5219 | |
| Pankreas | | 0.0607 | 0.0272 36.7712 | 20 |
| | 0.0419 | 0.0800 | 0.5241 1.9079 | |
| Prostata Uterus Endometrium | | 0.0298 | 1.3161 0.7598 | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 0.0136 | undef 0.0000 1.6834 0.5940 | |
| Uterus allgemein | | | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | midel 0.0000 | 23 |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | · | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0069 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | 33 |
| | | | | |
| Gastrointenstinal | 0.0167 | | | |
| Gastrointenstinal Gehirn | | | | |
| Gehirn Haematopoetisch | 0.0000 0.0079 | | | |
| Gehirn Haematopoetisch Haut | 0.0000 0.0079 0.0000 | | | 40 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 | | | 40 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 | | | 40 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 | | | 40 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 | | | 40 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 | | | |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 | | | |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 | | | |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0001 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 | ГВАНТЕРФБ ВТВ | TOTHEREN | |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0001 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0001 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB' %Haeufigkeit 0.0408 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB' %Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0001 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0001 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB' %Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 NORMIERTE/SUB'8Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB' %Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB'8Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 50 55 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Koden | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB' %Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 0.0389 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0001 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB'8Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 0.0389 0.0000 0.0389 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 50 55 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB'8Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 0.0389 0.0000 0.0246 0.0070 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 50 55 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB'8Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 0.0389 0.0000 0.0246 0.0070 0.0068 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 50 55 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | 0.0000 0.0079 0.0000 0.0000 0.0071 0.0145 0.0254 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB'8Haeufigkeit 0.0408 0.0000 0.0203 0.0000 0.0203 0.0000 0.0099 0.0000 0.0099 0.0000 0.0389 0.0000 0.0246 0.0070 0.0068 0.0077 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 45 50 55 |

```
Oferus_n 0.0250
                                                                  59
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0205
                                 Merven 0.0080
                                 Lunge 0.0082
                                                                 09
                                 0000.0 neboH
                                 Haut-Muskel 0.0065
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0244
                                 Foetal 0.0006
                                 Endokrines Gewebe 0.0000
                                                                  ςς
                                 Eierstock t 0.0051
                                 Eierstock_n 0.0000
                                 0000.0 Jeura
                           &Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  05
                                 Sinnesorgane 0.0377
                                 Prostata 0.0249
                                 Placenta 0.0121
                                                                  SÞ
                                 Niere 0.0247
                                 Webenniere 0.0000
                                 0740.0 epmul
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0285
                                 Mepatisch 0.0000
                                                                  04
                                 Maut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0079
                                 Gehirn 0.0063
                                 Gastrointenstinal 0.0222
                                 Entwicklung 0.0000
                                                                  Sε
                           &Haeufigkeit
                                 FOETUS
                                 Zervix 0.0426
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0286
                                 Sinnesorgane 0.0118
                                 Samenblase 0.0267
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0595
                                 Brust-Hyperplasie 0.0384
                                 Uterus_allgemein 0.0051
0.0534 18.7357
                    $60.0
                                                                  52
                    2720.0
                                 Uterus_Myometrium 0.0534
I.9640 0.5092
                    0.000
                                 Uterus Endometrium 0.0270
undef 0.0000
                                 Prostata 0.0305
 1.1942 0.8374
                    0.0255
                                 Penis 0.0359
9584.1 9E73.0
                    0.0233
                                 Pankreas 0.0198
 826E.1 0817.0
                    9720.0
                                                                  50
                   0.0205
                                 Niere 0.0244
9048.0 9681.1
                                 Muskel-Skelett 0.0394
                    0.0240
 0609 0 6TP9 T
                                 Magen-Speiseroehre 0.0483
 2.1009 0.4760
                    0.0230
                                 Lunge 0.0270
                    6010.0
 1912.1 9099.0
                    ₽620.0
                                 8820.0 neboH
 1.2299 0.8130
                                 Herz 0.0339
 0000.0 lebau.
                    0.000
                                 Hepatisch 0.0143
 0.5515 1.8133
                    0.0259
 0000.0 lebnu
                     0.000
                                  Haut 0.0257
                                  Maematopoetisch 0.0160
 0000.0 lebnu
                    0000.0
                                  Gehirn 0.0200
                    8620.0
 6164.1 E078.0
                                                                   01
 9E09'0 L9S9'T
                     6510.0
                                  Gastrointestinal 0.0230
                                 Endokrines_Gewebe 0.0409.
 2.3288 0.4294
                     9LT0'0
                                  Eiersfock 0.0300
 0.7675 1.3029
                     0680.0
                                  Duenndarm 0.0307
 1.8537 0.5395
                     910.0
                                  Brust 0.0141
 . 0.4991 2.0038
                     0.0282
                                  Blase 0.0429
                     0.0153
 2.7966 0.3576
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   N/T
Verhaeltnisse
                                  NORMAL
                      AOMUT
```

| | 0.0195 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N undef 0.0000 | | 5 |
|--------------------------------|---------------|---------------------------------|--|---|----------|
| | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 0.7347 | | , |
| Duenndarm Eierstock | | 0.0000 0.0052 | undef 0.0000 0.0000 undef | | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0052 | 0.2264 4.4166 | | |
| Gastrointestinal | | 0.0139 | 0.0000 undef | | |
| | 0.0177 | 0.0031 | 5.7597 0.1736 | | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef undef | | |
| _ | 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| - | 0.0064 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 undef | | 15 |
| | 0.0031 | 0.0123 | 0.2540 3.9367 | | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 2.5219 | | 20 |
| Pankreas | | 0.0000 | undef undef | | 20 |
| | 0.0120 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Prostata Uterus Endometrium | | 0.0021 | 0.0000 undef | | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0068 | undef 0.0000 1.1223 0.8911 | | |
| Uterus allgemein | | 0.0000 | undef undef | | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| | 0.0000 | | • | | 40 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | | • | | | |
| | 0.0142 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Placenta | | • | | | 45 |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | ФРУНЦЕРАЕ БІР | T TOTHEREN | | 50 |
| | %Haeufigkeit | TIMITENIE DID | PICITEREN | | |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | | | | | |
| Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | . |
| | 0.0000 | | | ! | 60 |
| Lunge Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | | | | | 65 |
| | - | | | , | |

DE 188 18 620 V I

| | | 0000.0 0000.0 5200.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 59 09 55 |
|---|----------------------------|--|--|----------------|
| эгіотнекей | ив этязінаяте | | | os |
| | | | | 03 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere | SÞ |
| | • | | Hepatisch | 01⁄2 |
| | | 0000.0 | Наематороетіясh | 0, |
| | | | Gehirn | |
| | - | | Gastrointenstinal | |
| | | %Haeufigkeit 0.0000 | Entwicklung | Sε |
| | | FOETUS | | |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0ε |
| 19bnu | 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.000 0.0022 0.0068 0.0152 0.0000 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein | 57 |
| Jebnu lebnu | 0000.0 | | Land Parking P | 70 |
| 0000.0 labar 0000.0 labar | 0000.0 | . LZ00.0 | Muskel-Skelett Niere | |
| lebru lebru | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| 19bnu 0000.0 | 0.0020 | 0000.0 | | |
| undef 0.0000 | 0000.0 | 1100.0 0.000.0 | | \$1 |
| 0000.0 19bau | 2900.0 | | Hepatisch | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Haut | |
| Japun Japun | 0000.0 | | Наематороеттась | |
| undef 0.0000 0.3600 2.7779 | 0.000.0 0.0021 | 7000,0 | Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | L100.0 | Endokrines Gewebe | |
| 1.0000 undef | 0.0026 | 0000.0 | Eierstock | |
| 0000.0 lebnu | 0.000.0 | | ричерии в при | |
| 0.000.0 lebnu | 0000.0 0000.0 | | Blase Brust | ς |
| | | %Haeufigkeit | | |
| Verhaeltnisse | яомит | JAMAON | | |
| | | | | |

| Gehirn 0.0022 0.0000 undef 0.0000 | | 0.0390 0.0000 0.0153 0.0030 0.0017 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0019 0.0000 0.0000 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 2.4850 0.4024 | 5 |
|--|--|--|---|---|----|
| Hoden 0.0115 0.0000 undef 0.0000 Lunge 0.0000 0.0000 undef undef Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 undef undef Muskel-Skelett 0.0000 0.0000 undef undef Muskel-Skelett 0.0000 0.0000 undef undef Niere 0.0000 0.0000 undef undef Pankreas 0.0000 0.0000 undef undef Penis 0.0240 0.0000 undef 0.0000 Prostata 0.0655 0.0064 1.0236 0.9769 Uterus Endometrium 0.0338 0.0000 undef 0.0000 Uterus Hypernesie 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 Uterus Aligemein 0.0029 0.0475 0.4810 2.0791 Uterus Aligemein 0.0000 0.0000 undef undef 22 Brust-Hyperplasie 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.0000 Samenblase 0.0267 Sinnesorgane 0.0000 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Hezz-Blutgefasse 0.0000 Hezz-Blutgefasse 0.0000 Niere 0.0000 Prostata 0.0249 Sinnesorgane 0.0000 Eierstock 0.0000 Foetal 0.0000 Gastrointestinal 0.0000 Gastrointestinal 0.0000 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | Gehirn Haematopoetisch Haut | 0.0022 0.0000 0.0037 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 undef undef undef 0.0000 | 10 |
| Niere 0.0000 0.0000 undef undef Pankreas 0.0000 0.0000 undef 0.0000 Pankreas 0.0240 0.0000 undef 0.0000 Prostata 0.0240 0.0000 undef 0.0000 Undef 0.0000 Prostata 0.0065 0.0064 1.0236 0.9769 Prostata 0.00229 0.0415 0.4810 0.0000 Uterus_Alyemetrium 0.0229 0.0415 0.4810 0.0791 Uterus_Alyemetrium 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.0149 Samenblase 0.0267 Sinnesorgane 0.0000 Samenblase 0.0267 Sinnesorgane 0.0000 Zervix 0.0106 Versian | Hoden Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0115 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 undef undef undef undef | 15 |
| Uterus_Myometrium 0.0229 0.0475 0.4810 2.0791 Uterus_allgemein 0.0000 0.0000 undef undef 22 Brust-Hyperplasie 0.0149 Samenblase 0.0267 Sinnesorgane 0.0000 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 FOETUS **Namentrium 0.0000 Gehirn 0.0000 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Niere 0.0000 Niere 0.0000 Placenta 0.0000 Prostata 0.0000 Prostata 0.0000 Sebenniere 0.0000 Noren 0.0000 Sebenniere 0.0000 Niere 0.0000 Sebenniere 0 | Niere Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0000 0.0240 0.0065 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0064 | undef undef undef undef undef 0.0000 1.0236 0.9769 | 20 |
| Brust-Hyperplasie 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.0149 Samenblase 0.0267 Sinnesorgane 0.0000 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 Tervix 0.0106 FOETUS *Haeufigkeit 33 Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Hepatisch 0.0000 Hepatisch 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Nebenniere 0.0000 Niere 0.0000 Niere 0.0000 Prostata 0.0049 Sinnesorgane 0.0000 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN *Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0006 Gastrointestinal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | | | |
| Prostata-Hyperplasie 0.0149 | | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Samenblase 0.0267 | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| FOETUS % Haeufigkeit Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haut 0.0000 Haut 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0000 Nebenniere 0.0000 Niere 0.0000 Placenta 0.0000 Placenta 0.00249 Sinnesorgane 0.0000 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN % Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Haematopoetisch 0.0000 | Gastrointenstinal | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | | | 35 |
| Hepatisch 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0000 Nebenniere 0.0000 Niere 0.0000 Placenta 0.0000 Prostata 0.0249 Sinnesorgane 0.0000 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN *Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | 40 |
| Lunge 0.0000 Nebenniere 0.0000 Niere 0.0000 Placenta 0.0000 Prostata 0.0249 Sinnesorgane 0.0000 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN *Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | | | |
| Nebenniere | _ | | | | |
| Placenta 0.0000 Prostata 0.0249 Sinnesorgane 0.0000 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN *Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | _ | | | | |
| Placenta | | | | | 45 |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN *Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | | | |
| \(\text{Haeufigkeit} \\ | | NODWIEDBE /CUD | MD3UIDDMD DID | . Tomusum | 50 |
| Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | TRAMIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe 0.0000 55 Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | | | |
| Foetal 0.0006 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | | | | | 55 |
| Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 | - | | | | 33 |
| Haematopoetisch 0.0000 | | | | | |
| Haut-Muskel 0.0000 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 1104011 010000 , | | | | | 60 |
| Lunge 0.0000 Nerven 0.0000 | Lunge | 0.0000 | | | |
| Prostata 0.0068 | | | | | |
| Sinnesorgane 0.0000 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n 0.0000 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

DE 188 18 620 V I

| Haut-Muskel 0.0130 Hoden 0.0154 Iunge 0.0082 Merven 0.0060 Prostata 0.0008 Sinnesorgane 0.0000 | \$9 09 |
|--|----------------------|
| Hoden 0.0154 Lunge 0.0082 Merven 0.0060 Prostata 0.0068 Sinnesorgane 0.0000 | |
| Hoden 0.0154 Lunge 0.0082 Merven 0.0060 Prostata 0.0068 | 09 |
| Hoden 0.0154 Lunge 0.0082 Merven 0.0060 | 09 |
| Hoden 0.0154 Lunge 0.0082 | 09 |
| Hoden 0.0154 | 09 |
| | 09 |
| ugar-masket v.otov | |
| | |
| Haematopoetisch 0.0114 | |
| Gastrointestinal 0.0000 | |
| Foetal 0.0181 | |
| Endokrines Gewebe 0.0000 | SS |
| Eierstock_t 0.0101 | |
| Eierstock_n 0.0000 | |
| 0000.0 Jeuzd | |
| вНаеитідкеіт | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | 05 |
| | |
| Sinnesorgane 0.0000 | |
| 0000.0 Prostata 0.0000 | |
| | |
| Placenta 0.0000 | 54 |
| Niere 0.0062 | |
| Mebenniere 6.020 | |
| Lunge 0.0036 | |
| Herz-Blutgefaesse 0.0071 | |
| Hepatisch 0.0000 | 07 |
| 0000.0 Jush | |
| Haematopoetisch 0.0000 | |
| Gastrointenstinal 0.0139 Gehirn 0.0000 | |
| | |
| | |
| Entwicklung 0.0000 | SE |
| %Наеитідкеіт Ептыіскуппу 0.0000 | 32 |
| Entwicklung 0.0000 | SE |
| %Наеитідкеіт Ептыіскуппу 0.0000 | SE |
| %Наеитідкеіт Ептыіскуппу 0.0000 | SE |
| Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Zervix 0.0000 FOETUS %Haeutigkeit %Entwicklung 0.0000 | 32 |
| - Zervix 0.0000 FOETUS %Haeufigkeit Entwicklung 0.0000 | |
| Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Zervix 0.0000 #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Entwicklung 0.0000 | |
| Prostata-Hyperplasie 0.0119 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Zervix 0.0000 #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit | |
| Brust-Hyperplasie 0.0032 Prostata-Hyperplasie 0.0119 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Weisse Blutkoerperchen 0.0035 Zervix 0.0000 #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit #Raeutigkeit | |
| Uterus_allgemein 0.0102 0.0000 undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0032 Prostata-Hyperplasie 0.0119 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Zervix 0.0000 FOETUS #Haeutigkeit #COTUS #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Haeutigkeit #Haeutigkeit | |
| Uterus_Alyemein 0.0000 0.0000 undef undef undef Uterus_Alyemein 0.0102 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0003 | 30 |
| Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef Undef Uterus_Myometrium 0.0000 0.0000 undef undef Uterus_Myometrium 0.0000 0.0000 undef 0.0000 Uterus_Allgemein 0.0102 0.0000 undef 0.0003 Brust-Hyperplasie 0.0019 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0118 | 30 |
| Uterus_Alygemein 0.0000 0.0000 undef undef Uderus_Alygemein 0.0102 0.0000 undef 0.0000 Uterus_Alygemein 0.0102 0.0000 undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0032 Prostata-Hyperplasie 0.0000 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Weisse Blutkoerperchen 0.0035 Zervix 0.0000 #Raeufigkeit #Haeufigkeit #Gravicklung 0.0000 | 30 |
| Penis 2 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 Prostata 0.0000 0.0000 0.0000 0.6824 1.4654 0.00000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.00000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.000 | 30 |
| Pankreas 0.0033 0.0110 0.2991 3.3428 Penis 0.0180 0.0000 undef 0.0000 Prostata 0.0087 0.0128 0.6824 1.4654 Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef Uterus_Alyperplasie 0.0010 0.0000 Brostata-Hyperplasie 0.0010 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Servix 0.0000 | 30 |
| Mieres 0.0000 0.0205 0.0000 undef 0.2050 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef undef undef 0.0000 underising 0.0000 undef undef 0.0000 underus_Myometrium 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0018 **Prostata-Hyperplasie 0.0018 **Prostata-Hyperplasie 0.0018 **Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 **Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 **Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 **Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 **Samenblase 0.0000 **Samenblase 0.0000 Samenblase 0.00000 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.00000 Samenblase 0.00000 Samenblase 0.00000 Samenblase 0.00000 Samenblase 0.00000 | 30 |
| Muskel-Skelett 0.0086 0.0060 1.4278 0.7004 Niere 0.0000 0.0205 0.0000 undef Pankreas 0.0033 0.0110 0.29913.3428 Penis 0.0087 0.0028 0.0080 undef 0.0000 Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef Uterus_Alyemetrium 0.0000 0.0000 Uterus_Alyemplasie 0.0102 Brust-Hyperplasie 0.0019 Prostata-Hyperplasie 0.0019 Brust-Hyperplasie 0.0019 Sinnesorgane 0.0118 Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0035 Brust-Hyperplasie 0.0035 Prostata-Hyperplasie 0.0019 Brust-Hyperplasie 0.0019 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0035 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0009 | 30 |
| Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 undef undef undef widsel-Skelett 0.0080 0.0000 0.0000 undef undef widsel-Skelett 0.0080 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 underzium 0.0000 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 underzium 0.0000 undef undef undef 0.0000 underzing 0.0010 undef undef undef 0.0000 underzing 0.0010 undef undef 0.0000 | 30 |
| Muskel-Skelett 0.0086 0.0060 1.4278 0.7004 Niere 0.0000 0.0205 0.0000 undef Pankreas 0.0033 0.0110 0.29913.3428 Penis 0.0087 0.0028 0.0080 undef 0.0000 Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef Uterus_Alyemetrium 0.0000 0.0000 Uterus_Alyemplasie 0.0102 Brust-Hyperplasie 0.0019 Prostata-Hyperplasie 0.0019 Brust-Hyperplasie 0.0019 Sinnesorgane 0.0118 Weisse_Blutkoerperchen 0.0035 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0118 Sinnesorgane 0.0035 Brust-Hyperplasie 0.0035 Prostata-Hyperplasie 0.0019 Brust-Hyperplasie 0.0019 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0035 Sinnesorgane 0.0018 Sinnesorgane 0.0009 | 30 |
| Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 undef undef undef wideledgen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 undef undef undef wideledge 0.0086 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 underising 0.0000 undef undef undef undef undef undef undef 0.0000 underising 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 underising 0.0010 undef undef undef 0.0000 underising 0.0010 undef undef undef 0.0000 underising 0.0010 undef undef 0.0000 underising 0.0010 undef undef 0.0000 underising 0.0010 undef undef 0.0000 undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.000 | 30 |
| Hoden | 30 |
| Hoden 0.0173 0.0117 1.4759 0.6775 Hoden 0.0173 0.0143 0.2903 3.4446 Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 1.4278 0.7004 Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 1.4278 0.7004 Muskel-Skelett 0.0000 0.0000 0.0000 undef 0.0000 Wiere 0.0000 0.0000 0.0000 undef 0.0000 Prostata 0.0003 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 Uterus Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 Uterus Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0010 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0010 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Brist-Hyperplasie 0.0019 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Prostata 0.0035 Brist-Hyperplasie 0.0019 Sinnesorgane 0.0018 Brist-Hyperplasie 0.0019 Brist-Hyperplasie 0.0019 Sinnesorgane 0.0000 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0018 Brist-Hyperplasie 0.0000 Sinnesorgane 0.0009 Sinnesorgane 0.0009 Brist-Hyperplasie 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 | 30 |
| Hoden | 30 |
| Hepatisch 0.0000 0.0065 0.0000 undef 0.0000 0.0173 0.14759 0.6775 0.0143 0.2903 3.4446 0.0000 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef undef 0.0000 0.0000 undef undef undef 0.0000 0.0000 undef undef undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 | 30 |
| Hepatisch 0.0007 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 0.0000 undef undef undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef undef 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 undef 0.0000 undef unde | 30 30 30 30 |
| Gastrointestinal 0.0172 0.039 1.2425 0.8048 0.0850 0.5400 1.8550 0.8048 0.0005 | 30 |
| Endokrines_Gewebe 0.0068 0.0075 0.9057 1.1042 Gastrointestinal 0.0172 0.0139 1.2425 0.8048 Gastrointestinal 0.0172 0.0139 1.2426 0.8081 Haematopoetisch 0.00040 0.0000 mndef 0.0000 Haut 0.0037 0.0000 mndef 0.0000 Herz 0.0074 0.0010 0.2503 3.4446 Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 1.4278 0.7004 Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 1.4278 0.7004 Miera 0.0000 0.0000 0.0000 mndef undef 0.0000 Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 mndef undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0003 0.0000 mndef undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0000 0.0000 mndef undef 0.0000 Samenblase 0.0000 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Brust-Hyperplasie 0.0018 Sinnesorgane 0.0018 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Servix 0.0000 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Brisse Diation 0.0035 Brisse Blutkoerperchen 0.0000 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 | 30 30 30 30 |
| Eierstock 0.0068 0.0075 0.0590 1.104377 0.6908 1.4477 0.0006 0.00075 0.90571.10408 0.0075 0.0075 0.90571.10408 0.0075 0.0075 0.90571.11042 0.0075 0.90571.11042 0.0008 0.0008 0.0075 0.54001.8520 0.8048 0.0008 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.00 | 30 30 30 30 |
| Endokrines_Gewebe 0.0068 0.0075 0.9057 1.1042 Gastrointestinal 0.0172 0.0139 1.2425 0.8048 Gastrointestinal 0.0172 0.0139 1.2426 0.8081 Haematopoetisch 0.00040 0.0000 mndef 0.0000 Haut 0.0037 0.0000 mndef 0.0000 Herz 0.0074 0.0010 0.2503 3.4446 Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 1.4278 0.7004 Magen-Speiseroehre 0.0000 0.0000 1.4278 0.7004 Miera 0.0000 0.0000 0.0000 mndef undef 0.0000 Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 mndef undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0003 0.0000 mndef undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0000 0.0000 mndef undef 0.0000 Samenblase 0.0000 0.0000 Sinnesorgane 0.0118 Brust-Hyperplasie 0.0018 Sinnesorgane 0.0018 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Servix 0.0000 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Brisse Diation 0.0035 Brisse Blutkoerperchen 0.0000 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 Brisse Blutkoerperchen 0.0035 | 30 30 30 30 |
| Eierstock 0.0068 0.0075 0.0590 1.104377 0.6908 1.4477 0.0006 0.00075 0.90571.10408 0.0075 0.0075 0.90571.10408 0.0075 0.0075 0.90571.11042 0.0075 0.90571.11042 0.0008 0.0008 0.0075 0.54001.8520 0.8048 0.0008 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.00 | 30 57 50 10 10 10 10 |
| Biase 0.035 0.0051 0.0051 0.0645 0.1457 0.0051 0.0052 0.005 | 30 30 30 30 |
| ### Brusk | 30 57 50 10 10 10 10 |

| Brust | 0.0234 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | N/T undef undef | | 5 |
|---|--------------------------------------|--|---|----------------------------------|----|
| Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 10 |
| Hepatisch Herz | 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef | 15 |
| Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef | 20 |
| | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | 211401 | | 30 |
| Zervix | | | | | 35 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch | 0.0000 0.0028 0.0000 | | | | |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0000 | | - | | 40 |
| Placenta Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 45 |
| Brust Eierstock_n | %Haeufigkeit 0.0000 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | | | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0042
                                                                  59
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Merven 0.0000
                                 O000.0 apmul
                                 Moden 0.0000
                                                                  09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0171
                                 Gastrointestinal 0.0000
                                 Foetal 0.0012
                                 Endokrines_Gewebe 0.0245
                                                                  ςς
                                 Eierstock t 0.0000
                                 Eierstock n 0.0000
                                 Brust 0.0000
                           *Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  05
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                  SÞ
                                 Niere 0.0000
                                 Nebenniere 0.0000
                                 Lunge 0.0000
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0036
                                 Hepatisch 0.0260
                                                                  01
                                 Maut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0000
                                 Entwicklung 0.0139
                           &Haeufigkeit
                                                                  32
                                 EOETUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0026
                                 Sinnesorgane 0.0235
                                 Samenblase 0.0089
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                 Brust-Hyperplasie 0.0000
 lebnu lebnu
                                 Uterus_allgemein 0.0000
                    0000.0
                                                                  52
undef undef
undef 0.0000
                    0.000.0
                                 Uterus_Myometrium 0.0076
                    0000.0
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
 19bmu 0000.0
                    €$00.0
                                 Prostata 0.0000
0000.0 lebru
                    0000.0
                                 Penis 0.0090
 undef undef
                    0.000
                                 Pankreas 0.0000
                                                                  50
undef 0.0000
                    0.000
                                 Miere 0.0054
undef 0.0000
                                 Muskel-Skelett 0.0017
                    0.000
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
 19bnu 0000.0
                    LL00.0
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                 0000.0 aprul
                    0000.0
 labau labau
                                 0000.0 neboH
                                                                  51
0000.0 lebru
                    0.000
                                 Herz 0.0011
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Hepatisch 0.0000
 labam labam
                    0000.0
                                 Haut 0.0000
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Haematopoetisch 0.0000
undef 0.0000
                    0.000.0
                                 Gehirn 0.0015
                                                                  01
 lebnu lebnu
                    0.000.0
                                 Gastrointestinal 0.0000
0000.0 lebnu
                    0.000
                                 Endokrines_Gewebe 0.0034
1.1513 0.8686
                    0.0026
                                 Eierstock 0.0030
                                 Duenndarm 0.0000
 labau labau
                    0.000.0
0000.0 lebnu
                    0000.0
                                 Brust 0:0013
                                                                  ς
0000.0 lebnu
                    0.000
                                 Blase 0.0429
   N/I
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit W/T
Verhaeltnisse
                    AOMUT
                                 NORMAL
```

| | NORMAL | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|--|-------------------|-----------------------|------------------------------|-----|
| Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef 0.0000 | _ |
| | .0.0090 | 0.0056 | 1.5879 0.6298 | 5 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0052 | 1.1513 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | | | 0.4528 2.2083 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| | 0.0030 | 0.0051 | 0.5760 1.7362 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| - | 0.0021 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 1.2610 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 undef 0.0000 | 20 |
| Prostata | | 0.0043 | 1.5354 0.6513 | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| | 0.0009 | | | 30 |
| 202127 | 0.000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| Entricklung | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0125 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| - | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | ,,, |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| • | | | | |
| | NORMITERTE / SIII | STRAHIERTE BIE | RI.TOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | riveritatio DI | ALC LUDIUM | |
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | 55 |
| | 0.0064 | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0154 | | | 60 |
| | 0.0000 | | | ••• |
| - | 0.0050 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | 0.016/ | | | 65 |
| | | | | |

DE 18 18 620 V I

| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Hoden | \$9 09 \$\$ |
|--|------------------------|--|---|-------------------|
| вгіоднекей | втвантаяты | | | 05 |
| | | | | 0,5 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere | 54 |
| | | | Hepatisch | ٥. |
| | | 0000.0 | | 01⁄2 |
| | | | Gehirn Haematopoetisch | |
| | | 0.000 | Gastrointenstinal | |
| | | | Entwicklung | 32 |
| | | %Haeufigkeit FOETUS | | 30 |
| | | 0.000 0.000 0.0026 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 57 |
| undef undef | 000010 | 0000.0 | | 50 |
| lebnu lebnu | 0000 | 0000.0 | Итеге | 00 |
| Jaban Jaban | 0000.0 | 00000 | Wagen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre | |
| ondef 0.0000 laban laban | 0000 0 | 0.0021 0.0001 | ezdeozes ieg2-gepeM | |
| labnu labnu | 0000.0 | 0000.0 | пэьон | \$1 |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0.000 | Hepatisch Kerz | |
| indef undef | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | 0,0040 | Наетатороетіясь | |
| 19bmu 0000.0 | 0.0000 | 0000.0 | пита солитола сво | 01 |
| labru labru | 0000.0 | 0000.0 | Endokrines_Gewebe | |
| undef undef | 0000.0 | 0000.0 | Eierstock | |
| laban laban | 0000.0 | 0000.0 | Duenndarm | |
| nudef undef | 0000.0 | | Brust | ς |
| N/T T/W 0000.0 lebnu | %Haeufigkeit 0.0000 | 0°0458 #н ч елітдкетс | | |
| Verhaeltnisse | | JAMAON 11045 | | |
| | | | | |

| | 0.0312 0.0307 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0019 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N 6.1018 0.1639 16.3327 0.0612 undef 0.0000 | 5 |
|-------------------------------------|------------------------|---|---|----|
| Eierstock | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0075 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | | 0.0093 | 0.6213 1.6096 | 10 |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0062 | 0.2400 4.1669 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0065 | 1.4706 0.6800 | |
| | 0.0138 0.0403 | 0.0412 | 0.3341 2.9932 undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0114 | 0.0061 | 1.8628 0.5368 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0153 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0300 | 0.9138 1.0944 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0331 | 0.1496 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0021 | 2.0473 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0679 | 1.0100 0.9901 | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef 0.0000 | 23 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| | 0.0213 | | | |
| | FOETUS %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | · · | |
| Gastrointenstinal | 0.0111 | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| наит Нераtisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| Niere | 0.0124 | | | 45 |
| Placenta | 0.0061 | | | 43 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 . | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SU | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock_t | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | | | | 33 |
| | 0.0023 | | | |
| Gastrointestinal Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0037 | | | 60 |
| | 0.0410 | | | • |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | | | | 65 |
| _ | | | | |

DE 18 18 970 V I

```
Uterus_n 0.0125
                                                                 59
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Merven 0.0010
                                 1.0000 epmul
                                 Нодеп 0.000
                                                                 09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0122
                                 Foetal 0.0041
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                 SS
                                 Eierstock_t 0.0000
                                 Eierstock_n 0.0000
                                 Brust 0.0000
                          %Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                 05
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                 SÞ
                                 Niere 0.0000
                                 Nebenniere 0.0000
                                 Lunge 0.0000
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                 Hepatisch 0.0000
                                                                 0⊅
                                 Maut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gehirm 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0056
                                 Entwicklung 0.0000
                           &Haeufigkeit
                                                                 Sε
                                 EOELUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0009
                                                                 30
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                 Brust-Hyperplasie 0.0000
                                 Uterus_allgemein 0.0000
 lebm lebmu
                   0.000
                                                                 57
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
 undef undef
                   0.000.0
 undef undef
                   0.000
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
1.0236 0.9769
                   0.0021
                                 Prostata 0.0022
                                 Penis 0.0000
 lebnu lebnu
                   000000
 Jebnu Jebnu
                                 Pankreas 0.0000
                   0.000
                                                                 07
 lebnu lebnu
                   0.000.0
                                 Miere 0.0000
 Japun Japun
                   0.000
                                 Muskel-skelett 0.0000
 lebnu lebnu
                   0.000
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
undef 0.0000
                   0.000
                                 Lunge 0.0021
 undef undef
                   0000.0
                                 0000.0 neboH
                                                                 51
 Jabnu labnu
                   0.000
                                 Herz 0.0000
 Jəpun Jəpun
                   0.000
                                 Hepatisch 0.0000
undef 0.0000
                   0.000
                                Haut 0.0037
                    0.000
                                 Haematopoetisch 0.0027
0000.0 lebnu
0000.0 labau
                                 Gehirn 0.0007
                    0.000
                                                                 10
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Gastrointestinal 0.0000
                                 Endokrines_Gewebe 0.0017
undef 0.0000
                    0.000
undef 0.0000
                   0.000.0
                                 Eierstock 0.0030
 laban laban
                    0.000
                                 Duenndarm 0.0000
 lebnu lebnu
                                 Brust 0.0000
                    0.000.0
                                                                 ς
undef 0.0000
                                 Blase 0.0273
                    0.000.0
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   I \setminus I
Verhaeltnisse
                    AOMUT
                                 NORMAL
```

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---|------------------------|------------------|------------------------------|-----|
| Rlace | *Haeufigkeit 0.0234 | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0234 | 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 undef 0.0000 | 5 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0026 | 0.0000 undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef undef undef | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 1.6714 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus Myometrium | | 0.0068 | 1.1223 0.8911 | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | | | | 30 |
| | | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0072 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | 4.5 |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIR | LIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock_t | | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | 55 |
| Foetal | | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| Hoden Lunge | 0.0000 | | | 60 |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | | | | 65 |
| | | | | 0.5 |

| | | 0000:0 | Oterus_n | 59 |
|-------------------|----------------|---------------|------------------------|-----|
| | | | Sinnesorgane | 37 |
| | | | Prostata | |
| | | 8900.0 | | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | | |
| | | 0000.0 | | 09 |
| | | | Haut-Muskel | |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointestinal | |
| | | 0.0052 | | |
| | | | Endokrines_Gewebe | SS |
| | | | Eierstock_t | |
| | | | Eierstock_n | |
| | | 0000.0 | Brust | |
| | | \$Haeufigkeit | | |
| PLIOTHEKEN | II8 ETABIHAATE | NORMIERTE/SU | | 05 |
| | | | | • |
| | | | 6 | |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Prostata | |
| | | | Placenta | C. |
| | | 0000.0 | | SÞ |
| | | | Мерепліете | |
| | | 0000.0 | | |
| | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | 0000.0 | Hepatisch | |
| | | 0000.0 | | 07 |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | 0000.0 | Gehirn | |
| | | 0.0028 | Gastrointenstinal | |
| | | 00000 | Entwicklung | |
| | | \$Haeufigkeit | | 32 |
| | | EOETUS | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | Xivisz - Zervix | |
| | | | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | 0000.0 | Samenblase | |
| | | 0000.0 | Prostata-Hyperplasie | |
| | - | | Brust-Hyperplasie | |
| lebru lebru | 0000.0 | | Uteruz_allgemein | 52 |
| lebru lebru | 0000.0 | 0000.0 | Uteruz_Myometrium | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | | Uterus_Endometrium | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | | Prostata | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | sin9¶ | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Eankreas | 70 |
| 0000.0 leban | 0000.0 | 7200.0 | Иіете | ••• |
| Jabau labau | 0000.0 | . 0000 | Wnskej-Skejett | |
| 0000.0 lebru | 0.000 | 7600.0 | Magen-Speiseroehre | |
| Jabnu labnu | 0000.0 | 0.000 | rmde | |
| nudef undef | 0000.0 | 0.000 | иәрон | CI |
| . jəpun jəpun | 0000.0 | 0000.0 | zıəH | \$1 |
| Jəpun Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | Нератіясь | |
| Japun Japun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Наетатороетізсһ | |
| 0000.0 lebm | 0000.0 | | Серіти | |
| lebru lebru | 0000.0 | | Gastrointestinal | 01 |
| 19bnu 0000.0 | 0200.0 | | Endokrines Gewebe | |
| 19bnu 0000.0 | 0.0026 | | Eierstock | |
| leban leban | 0000.0 | | Duenndarm | |
| 2 2 | 0000 | | | |
| midei nudei | 0000 | 0000.0 | genag | |
| lebnu lebnu | 0000-0 | 0000°0 | | ς |
| £601.0 7221.6 | 9200.0 | ₽£20.0 | Blase | ς |
| £601.0 7221.6 | | ₽£20.0 | Bļģze | Ş |

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe | 0.0195 0.0013 0.0031 0.0060 0.0085 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0104 0.0150 | undef 0 undef 0 undef 0 0.57561 0.56601 | r/N D.0000 D.0000 D.0000 L.7372 L.7667 | 5 |
|--|--|---|---|---|----|
| | 0.0037 0.0040 0.0000 | 0.0139 0.0010 0.0000 0.0000 | 0.1381 7 3.5998 0 undef 0 undef u | 0.2778 0.0000 undef | 10 |
| Hoden | 0.0011 0.0173 0.0042 | 0.0000 0.0000 0.0117 0.0061 0.0000 | undef 0 1.4759 0 0.6774 1 undef u | 0.0000 0.6775 1.4763 | 15 |
| Muskel-Skelett Niere Pankreas | 0.0000 0.0109 0.0017 0.0120 0.0000 | 0.0060 0.0000 0.0000 0.0000 0.0021 0.0000 | 0.0000 u undef 0 undef 0 0.0000 u undef undef undef 0 | 0.0000 0.0000 0.0000 undef | 20 |
| Uterus Myometrium Uterus allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0076 0.0051 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 | undef 0 undef 0 | | 25 |
| Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0026 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0000 | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0036 | | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| | %Haeufigkeit | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKE | EN | 50 |
| Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0023 0.0000 | | | | 55 |
| Haut-Muskel Hoden | 0.0130 0.0000 0.0082 0.0070 | | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

| | | | 7500:0 | n_eruzəju | 59 |
|---------------|---------------|---------------|--|------------------------|-----|
| | | | | | 59 |
| | | | | Stunesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | Nerven | |
| | | | | Punde | |
| | | | 0000.0 | иэрон | 09 |
| | | | 0000.0 | Наис−Ми ѕке1 | |
| | | | | наетасороетізср | |
| | | | | Gastrointestinal | |
| | | | | Foetal | |
| | | | | Endokrines_Gewebe | cc |
| | | | | Eierstock_t | SS |
| | | | | <u> </u> | |
| | | | | Eierstock_n | |
| | | | 0.000.0 | | |
| MGD. | 1911 1 A T E | | ************************************** | | |
| Nax | TAHTOT.I | ятя этязінаят | NORMIERTE/SUB | | OS |
| | | | | | |
| | | | 000000 | 21126705211170 | |
| | | | | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | Placenta | SÞ |
| | | | 0000.0 | Аіете | 3, |
| | | | 0000.0 | Mebenniere | |
| | | | 0000.0 | әбипү | |
| | | | 0000 | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | 0000.0 | Hepatisch | |
| | | | 0000-0 | Наис | 07 |
| | | | | Haematopoetisch | |
| | | | | Сертки | |
| | | | | Gastrointenstinal | |
| | | | | Entwicklung | |
| | | | %Haeufigkeit | 2411/12 111444 | 32 |
| | | | FOETUS | | 30 |
| | | | 5114404 | | |
| | | | | | |
| | | | 0000.0 | Zervix | |
| | | | | Meisse Blutkoerperchen | 30 |
| | | | | Sinnesorgane | 00 |
| | | | | sandnass | |
| | | | | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | | Brust-Hyperplasie | |
| Tantin | jəpun | 000010 | | | |
| | | | | Uterus_allgemein | 52 |
| | mdef | 0000.0 | | Uterus_Myometrium | |
| | labmu | 0000.0 | | Uterus Endometrium | |
| | lebm | 0000.0 | | Prostata | |
| | lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Penis | |
| | labnu | | 0000.0 | Pankreas | 70 |
| | lebnu | 0000.0 | 0.000 | Иіете | |
| |]əpun | 0000.0 | 0000.0 | Wuskel-Skelett | |
| Jabnu | jəpun | 0000.0 | 0000.0 | Wagen-Speiseroehre | |
| J əpun | J əpun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| labau | Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 19pun | Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | \$1 |
| | Jəpun | 0000.0 | | Hepatisch | |
| | Jəpun | | | | |
| | Jabau | 0000.0 | 0000.0 | | |
| | Jabau | 0000.0 | | Haematopoetisch | |
| - | | 0000.0 | 0000.0 | | 10 |
| | lebmu | 0000.0 | | Gastrointestinal | ٠. |
| | Jəbnu | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| | Jəpun | 0000.0 | 0.0030 | Eierstock | |
| | labnu | 0.000 | 0000.0 | Duenndarm | |
| lebnu | lebnu | 0000.0 | 0000-0 | Brust | |
| 0000.0 | lebmu | 0000.0 | 9510.0 | BJ926 | S |
| N/L | T/N | _ | *Haeufigkeit | • | |
| grutase | | AOMUT | NORMAL | | |
| | - | | 24744014 | | |

| | 0.0156 0.0013 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T undef | ltnisse T/N 0.0000 0.0000 undef | 5 |
|---|---|---|--|---|----|
| Haematopoetisch | 0.0000 0.0019 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0025 0.0046 0.0000 | undef undef | undef 2.4145 undef undef | 10 |
| Hepatisch Herz Hoden | 0.0011 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef undef | undef 0.0000 undef undef | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0060 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef | undef undef undef | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | undef | 25 |
| Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | 0.0000 0.0000 | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Brust | NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | ŒN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0035 0.0000 | | | | 55 |
| Lunge Nerven | 0.0032 0.0000 0.0000 0.0020 | | · | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0310 | | | | 65 |

| | | | 0000.0 | ηςerna_n | 59 |
|--|---|--|--|--|----------------|
| | | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | 0000.0 | | 09 |
| | | | | Haut-Muskel | |
| | | | | Haematopoetisch | |
| | | • | 0000.0 | Gastrointestinal | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | 0000.0 | Endokrines Gewebe | SS |
| | | | 0000.0 | Eierstock_t | |
| | | | 0000.0 | Eŗerstock_n | |
| | | | 0000.0 | Brust | |
| | | • | %Haeufigkeit | | |
| พฐษา | פרדתנש | в этязінаяты | | | 00 |
| Nan | THEOT 1G | IG Smggliifdmg | no, andarmaen | | 0\$ |
| | | | | | |
| | | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | • | | Prostata | |
| | | | 0000.0 | Бтасепта | |
| | | | 0000.0 | | 54 |
| | | | | Иереппіеге | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | | | |
| | | | | Нератізсь | 01⁄2 |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | Haematopoetisch | |
| | | | | Gehirn | |
| | | | | Gastrointenstinal | |
| | | | | Entwicklung | cc |
| | | | %Haeufigkeit | | 32 |
| | | | | | |
| | | | EOELUS | | |
| | | | SUTROT | | |
| | | | - | | |
| | | | 0000-0 | xiviəz | 0.5 |
| | | | 0000.0 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | · | 0000 0 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | 0000 0 | Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | · | 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 9ε |
| | | · | 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 | Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| 1 9bru | J əpun | 0000 0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | ləbnu 1əbnu | 0000 0 | 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 | Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | |
| | Jabnu | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | |
| lebnu lebnu | nudef Jebnu | 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | |
| lebnu lebnu lebnu | lebnu lebnu | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | |
| labnu undef labnu labnu | lebnu lebnu lebnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Penis Prostata Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 52 |
| labru labru labru mdef labru | labru labru labru labru labru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 | Pankreas Penis Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | labru labru labru labru labru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 0000 ° 0 | Niere Pankreas Penis Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | 52 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Muskel-Skelett Niere Pankreas Penias Perstata Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Sinnesorgane | 52 |
| labru tabru tabru tabru tabru tabru tabru | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Magen-Speiseroehre Nuskel-Skelett Niere Pankreas Penisa Perstata Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Meisse_Blutkoerperchen | 52 |
| 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penisa Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | 52 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | 52 |
| 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Miskel-Skelett Niere Pankreas Prostata Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | 52 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Hetz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Prostata Prostata Uterus Endometrium Uterus Ayometrium Uterus allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane | 52 |
| 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Henrisch Hepatisch Heden Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Miere Pankreas Penis Prostata Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Ayperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Sinnesorgane | 52 |
| 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz Hoden Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Miere Pankreas Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Ayperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane | 52 |
| 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Gehirn Haematopoetisch Haut Habatisch Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Miere Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Samenblase Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | 52 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Geninal Geninal Geninal Ceninal Ceninal Ceninal Ceninal Haut Hacklach Hart Hepatisch Hacklach | S7 02 S1 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Sinnesorgane Sinnesorgane Sinnesorgane Sinnesorgane | S7 02 S1 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Hers Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Miskel-Skelett Miskel-Skelett Miskel-Skelett Wiskelskels Bruskels Uterus Myometrium Uterus Endometrium Uterus Latometrium Uterus Endometrium Seniss Sinassississississississississississississi | S7 02 S1 |
| 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Herz Hoden Herz Hoden Magen-Speiseroehre Brust-Hyperplasie Stanse-Blutkoerperchen Sinnesorgane Sinnesorgane | S7 02 S1 |
| 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu 1ebnu | ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Brust Brust Brust Brockrines Brackebe Gastrointestinal Gehirn Gehirn Haematopoetisch Haut Herz Hoden Herz Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Brust-Skelett Brustens Uterus Myometrium Uterus Endometrium Uterus Latometrium Uterus Latometrium Stansongase Sinnesorgase Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Stansorgase Sinnesorgase Sinnesorgase | 97 97 91 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Blase Brush Brush Brush Brush Brush Bracker Br | S7 02 S1 |
| 0000.0 labnu | labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Blase Brush Brush Brush Brush Brush Bracker Br | 97 97 91 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | T/N lebru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000 0 0000 0 | Blase Brust Brust Brust Brust Brockrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Hach Herz Herz Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Prostata Prostata Uterus Myometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Brustata Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brustata-Hyperplasie | 97 97 91 |

| | NORMAL. | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---|---------------|------------------|---------------------------------------|-----|
| _, | | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0156 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| Duenndarm | 0.0038 | 0.0038 | 1.0208 0.9796 | |
| Eierstock | | 0.0000 0.0052 | undef 0.0000 1.7269 0.5791 | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0032 | 2.7170 0.3681 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0089 | 0.0144 | 0.6171 1.6205 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 0.6800 | |
| Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| _ | 0.0135 | 0.0123 | 1.1007 0.9085 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0077 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0120 | 0.2856 3.5020 | |
| | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 1.2610 | 20 |
| Pankreas | | 0.0000 | undef undef | 20 |
| | 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0149 | 0.1462 6.8384 | |
| Uterus_Endometrium Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 0.5611 1.7821 | |
| Uterus allgemein | | 0.0136 0.1908 | 0.1334 7.4943 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | 0.1700 | U.1334 /.4743 | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | 30 |
| Zervix | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| Entwicklung | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | 0.0062 | | | 45 |
| Placenta | | | | 43 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock_t | | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | 55 |
| Foetal | | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| Nerven | 0.0000 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | | | | 65 |
| * * * * * * * * * * * * * * * * * * * | | | | 0.5 |

| | | 2100.0 2210.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | | 09 |
|--|--|--|---|-----|
| NGAGA LOTAG | NAMENIE DIE | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 | Eierstock_n Eierstock_t | SS. |
| H TOTHEKEN | HIE BTREIHAATE | NORMIERTE /SITE | | 05 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere | SÞ |
| | | 0.0125 0.0000 0.0000 0.0000 | Hepatisch | 07 |
| | | | Ептитскі | 32 |
| | | 0.000 0.0089 0.0009 | Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 0ε |
| 0000.0 dahuu 5.1181.0.1954 0.180.7.8106 19bnu dahuu 19bnu dahuu | 0000.0 0.0021 0.0000 0.0000 | 8900.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Alyometrium Uterus_allgemein | 72 |
| 14064 2.4605 mdef undef model 0.0000 0.6609 1.5132 0000.0 definition | 0.0102 0.0000 0.0000 0.0205 0.0000 | 0.00.0 0.000.0 0.0069 0.0136 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | 70 |
| 0000.0 labru 0000.0 labru 0000.0 labru 0000.0 labru labru labru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 7220.0 | hoeijeqəH SiəH | Ç1 |
| undef 0.0000 undef 0.0000 0.5434 1.8403 0.4142 2.4145 2.6399 0.3788 | 0.000.0 0.0000 0.0046 0.0031 | 6T00°0 8900°0 0E00°0 T900°0 | Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| Verhaeltnisse N/T T/N 5.3391 0.1873 0.3403 2.9389 | TUMOR 8Haeufigkeit 0.0051 0.0075 | NORMAL 8Haeufigkeit 0.0273 0.0026 | | ς |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | | eltnisse T/N | |
|---------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------|-----------------|----|
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Duenndarm | | 0.0000 | | undef | |
| Eierstock | | 0.0000 | | undef | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | | 0.0000 | |
| Gastrointestinal Gehirn | | 0.0000 0.0000 | | undef undef | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | | undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef . | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 |) undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | | undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | | undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef | 20 |
| Pankreas | | 0.0000 | | undef | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef | |
| Prostata | | 0.0000 | | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | | undef | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | | undef | 25 |
| Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | mider | mider | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| Genirn Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta. | 0.0000 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SU | BTRAHIERTE BI | BLIOTHE | KEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | | | | | |
| Eierstock_t | | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | | | | | 33 |
| | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | | | | | 65 |
| | | | | | |

| MENERIOTG | ата этязінаят; | %Haeufigkeit 0.0136 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 99 99 |
|--|--|--|---|----------|
| NazanaOl1 | ата чтачтилат | NORMIER TE / SIIB | | 90 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 20.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Mebenniere | St |
| | | 9200.0 | Entwicklung Gastrointenstinal Gastrointenstinal | SE |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| undef undef undef undef undef undef undef undef undef undef | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0.000 0.000 0.0051 0.0032 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | \$2 |
| 0.5080 1.9684 undef undef u.0000 undef undef u.0000 undef un | 1400.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0.000 0.0000 0.0086 0.0027 0.0033 | Lunge Magen-Speiseroehre Miskel-Skelett Miere | 50 |
| ondef o.0000 ndef undef ndef undef ndef undef | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0,0040 0,000 | hseitooqotsmasH Hush Hepsitsch Siers | \$1 |
| 0.000.0 labnu mdef 0.000.0 0.000.0 labnu 4772 mdef 0.0000 0.2400 4.1650 | 0.0019 0.0000 0.0000 0.0000 0.0031 | 0000.0 \$500.0 7200.0 | brusc Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| 0000.0 lebnu | TUMOR \$Haeufigkeit 0.0000 | 9910.0 | | S |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---------------------------------------|--------------|------------------|----------------------------|----|
| | | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 0.1093 | 5 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | | 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef | |
| | 0.0081 | 0.0010 | 7.9196 0.1263 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef undef | |
| <u>-</u> | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0011 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 13 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef undef undef undef | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | under under | |
| Prostata | | 0.0000 | 0.0000 undef | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | | | | |
| Prostata Sinnesorgane | | | | |
| Dimesorgane | 0.000 | | | |
| | | | | 50 |
| | • | STRAHIERTE BIE | LIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock_t | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 33 |
| Foetal Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | 0.0000 | | | |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |
| - | | | | |

```
Uterus_n 0.0042
                                                                 59
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Merven 0.0000
                                Lunge 0.0000
                                Moden 0.0000
                                                                 09
                                Haut-Muskel 0.0000
                                Maematopoetisch 0.000
                                Gastrointestinal 0.0000
                                Foetal 0.0000
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                 ςς
                                Eierstock_t 0.0000
                                Eierstock_n 0.0000
                                Brust 0.0000
                          &Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                05
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Placenta 0.0000
                                                                SÞ
                                Niere 0.0000
                                Mebenniere 0.0000
                                Junge 0.0000
                                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                Hepatisch 0.0000
                                Haut 0.0000
                                                                07
                                Haematopoetisch 0.0000
                                Gehirm 0.0000
                                Gastrointenstinal 0.0000
                                Entwicklung 0.0000
                          $Haeufigkeit
                                                                Sε
                                FOETUS
                                Zervix 0.0000
                                Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Samenblase 0.0000
                                Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                Brust-Hyperplasie 0.0000
 undef undef
                                Uterus_allgemein 0.0000
                   0000.0
                                                                52
 lebnu lebnu
                   0.000.0
                                Uterus Myometrium 0.0000
 Jəpun Jəpun
                                Uterus_Endometrium 0.0000
                   0000.0
 nudef undef
                   0.000
                                Prostata 0.0000
 Japun Japun
                   0000.0
                                Penis 0.0000
                                Pankreas 0.0000
 lebnu lebnu
                   0.000
                                                                50
 lebnu lebnu
                   0.000
                                Niere 0.0000
 Jebnu lebnu
                   0.000
                                Muskel-Skelett 0.0000
 lebnu lebnu
                   0000.0
                                Magen-Speiseroehre 0.0000
                   0.000
                                Lunge 0.0000
 undef undef
 Jabau labau
                   0.000.0
                                0000.0 neboH
                                                                51
0000.0 lebmu
                   0000.0
                                Herz 0.0011
 lebnu lebnu
                                Hepatisch 0.0000
                   0.000
                                Maut 0.0000
 undef undef
                   0.000
 Japun Japun
                   0000.0
                                Haematopoetisch 0.0000
 Jaban laban
                   0000.0
                                Gehirn 0.0000
                                                                10
 nudef undef
                   0000.0
                                Gastrointestinal 0.0000
 undef undef
                   0.000
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
undef 0.0000
                                Eierştock 0.0030
                   0.000
 Jəpun Jəpun
                                Duenndarm 0.0000
                    0.000
                                Brust 0.0000
 Jabnu labnu
                   0.000
                                                                ς
undef 0.0000
                   0.000
                                Blase 0.0156
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   II
Verhaeltnisse
                    TUMOR
                                NORMAL
```

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-----------------------------|---------------|------------------|--------------------------------|----|
| | | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| | 0.0156 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 0.7347 | |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0026 | 0.0000 undef | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gastrointestinal | | 0.0093 | 0.2071 4.8289 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| - | 0.0000 | 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | under under undef undef | |
| - | 0.0032 | 0.0000 | under under under under 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 0.7873 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0060 | 1.1422 0.8755 | |
| | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | | 00055 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0021 | 0.0000 undef | |
| Uterus Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | Bonmue | | | |
| | FOETUS | | | |
| Entwicklung | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| - | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | | | | 50 |
| | NORMIERTE/SUE | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| . . | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock_t | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe Foetal | | | - | 33 |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | 0.0000 | | | 00 |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | | | | 65 |
| - | | | | 03 |

| | | | Sinnesorgane Uterus_n | S9 |
|---------------|----------------|---------------|---|-----------|
| | | | Prostata | |
| | • | | Иегаеп | |
| | | 0000.0 | | |
| | | 0000.0 | Haut-Muskel Hoden | 09 |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointestinal | |
| | | | Foetal | |
| | | | Endokrines Gewebe | SS |
| | | | Eierstock_t | |
| | | 0000.0 | Eierstock n | |
| | | %Haeufigkeit | 4~:wG | |
| ГІОДНЕКЕЙ | BIB ETABIHAATE | | | 05 |
| | | · | | US |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Prostata | |
| | • | | Placenta | 57 |
| | | 0000.0 | ereinnedeM ereiM | |
| | | 0000.0 | | |
| | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | Hepatisch | ۸4 |
| | | 0000.0 | _ | 07 |
| | | | Gehirn Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | | Entwicklung | |
| | | \$Haeufigkeit | | 32 |
| | | FOETUS | | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | Zervík | |
| | | 0000.0 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | • | | Samenblase | |
| | | | Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | |
| undef undef | . 0000*0 | | Uterus allgemein | 52 |
| labau labau | | 0000.0 | Uterus_Myometrium | 30 |
| labnu labnu | | 0000.0 | Uterus_Endometrium | |
| Jəpun Jəpun | | | Prostata | |
| undef undef | | 0000.0 | - | |
| laban laban | | 0000.0 | Pankreas Niere | 70 |
| Jeban Jeban | | | Muskel-Skelett | |
| nudef undef | 0.000 | 0.000 | Magen-Speiseroehre | |
| nuqet nuqet | 0.000 | 0000.0 | | |
| Jəpun Jəpun | | 0000.0 | | \$1 |
| Japun Japun | | 0000.0 | | |
| nudef undef | | 0000.0 | Нерасізсһ | |
| lebau lebau | | | Наемаtороеtisch | |
| jəpun jəpun | | . 0000.0 | Gehirn | Δ1 |
| labnu labnu | 0000.0 | | Gastrointestinal | 01 |
| Japun Japun | | 0000.0 | | |
| nudef undef | | | Duenndarm | |
| ndef undef | | 0000.0 | | |
| 0000.0 lebru | | 2610.0 | | ς |
| N/T T/N | %Haeufigkeit | _ | | |
| Verhaeltnisse | 7 AOMUT | NORMAL | | |
| | | | | |

| | NORMAL | TUMOR | Verhae | eltnisse | |
|------------------------|---------------|----------------|---------|---------------|-----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 1.6 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| - | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| _ | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Placenta | | | | | 45 |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Jamiesorgane | -, | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUF | STRAHIERTE BIE | BLIOTHE | KEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | - | |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock n | | | | | |
| Eierstock t | | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | | 55 |
| Foetal | | | | | |
| Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | ~ |
| Nerven | | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus n | | | | | |
| ocerna_II | 0.000 | | | | 65 |
| | | | | | |

DE 188 18 970 V I

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

```
Eierstock t 0.0000
                                Eierstock_n 0.0000
                                Brust 0.0000
                          &Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                OS
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Placenta 0.0000
                                Miere 0.0000
                                Mebenniere 0.0000
                                0000.0 spmJ
                                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                Hepatisch 0.0000
                                                                07
                                Haut 0.0000
                                Haematopoetisch 0.0000
                                Gehirn 0.0000
                                Gastrointenstinal 0.0000
                                Entwicklung 0.0000
                                                                32
                          $Haeufigkeit
                                FOETUS
                                Zervix 0.0000
                                Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Samenblase 0.0000
                                Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                Brust-Hyperplasie 0.0000
                                Uterus_allgemein 0.0000
undef undef
                   0000.0
                                                                52
                                Uterus_Myometrium 0.0000
lebnu lebnu
                   0000.0
Jabau labau
                   0000.0
                                Uterus Endometrium 0.0000
                                Prostata 0.0000
Jabnu labnu
                   0000.0
                                Penis 0.0000
                   0000.0
 undef undef
                                Pankreas 0.0000
 lebnu lebnu
                   0000.0
                                                                50
                                Miere 0.0000
 lebnu lebnu
                   0000.0
                                Muskel-Skelett 0.0000
                   0000.0
 lebnu lebnu
                                Magen-Speiseroehre 0.000
                   0000.0
 nudef undef
                                Lunge 0.0000
 lebnu lebnu
                   0.000
                                0000.0 naboH
                   0.000
 labnu labnu
                                                                S١
                                0000.0 zrsH-
 Jabnu labnu
                   0000.0
                                Hepatisch 0.0000
 Japun Japun
                   0000.0
                                Maut 0.0000
                   0000.0
 lebm lebmu
                                Haematopoetisch 0.0000
 jəpun jəpun
                   0000.0
                                Gehirn 0.0000
 lebm lebmu
                   0000.0
                                                                 10
                   0000.0
                                Gastrointestinal 0.0000
 lebmu lebmu
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
 undef undef
                   0000.0
                                Eierstock 0.0000
 lebnu lebnu
                   0000.0
                                Duenndarm 0.0000
 undef undef
                   0000.0
                   0000.0
                                0000.0 Jeura
 Japun Japun
                                Blase 0.0156
0000.0 lebnu
                   0000.0
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   N/T
Verhaeltnisse
                    ROMUT
                                NORMAL
```

| Foetal 0.0000 | Foetal 0.0000 | Foetal 0.0000 | Foetal 0.0000 | Haematopoetisch 0.0000 | Haut-Muskel 0.0000 | Hoden 0.0000 | Horven 0.0000 | Prostata 0.0000 | Prostata 0.0000 | Sinnesorgane 0.0000

| | NORMAL | TUMOR | | ltnisse | |
|---|--|------------------|---------|---------------------------------------|----|
| _, | | %Haeufigkeit | | T/N | |
| | 0.0273 | 0.0000 | | 0.0000 | 5 |
| | | 0.0000 | undef | | |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef | | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | undef | | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | | 10 |
| | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | | •- |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | | 0.0000 | |
| | 0.0000 | | undef | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 13 |
| | 0.0010 | 0.0000 | | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef | | |
| Muskel-Skelett | | | undef | | |
| | 0.0000 | | undef | | 20 |
| Pankreas | | 0.0000 | undef | | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Prostata | | 0.0000 | undef | * ** | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef | * * | |
| Uterus Myometrium | | | undef | | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | | | | | |
| Entwicklung | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| - | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 45 |
| | | | | | |
| Prostata Sinnesorgane | | | | | |
| Simesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 50 |
| | NORMTERTE / SUR | יים איים אודביים | T.TOTHE | EN | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | |
| Rrijet | %Haeufigkeit | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | |
| | %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | EN | |
| Eierstock n | <pre>%Haeufigkeit 0.0000 0.0000</pre> | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | EN | |
| Eierstock_n Eierstock_t | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | ŒN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | ŒN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | ŒN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | EN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | EN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | EN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | CEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | 55 |

| вгіотнекей | 18 зтязін аята | ###################################### | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Haut-Muskel | \$9 09 \$\$ |
|--|--|--|--|----------------------|
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | SÞ 0 Þ |
| | | | Ептитску | 35 |
| | | 7.00.0 0000.0 0000.0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| 19bnu 19bnu 6070.0020.1 0000.0 19bnu 19bnu 0000.0 19bnu 19bnu | 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 | 8900°0 0000°0 900°0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 52 |
| 1980.1 0802.0 defined by the second of the s | 0.0020 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0000.0 0000.0 \$600.0 7200.0 0000.0 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Wiere Pankreas | 50 |
| 0000.0 labru 0000.0 labru 0000.0 labru 0000.0 labru 0000.0 labru nadef labru labru labru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | £100.0 7£00.0 | Hepatisch Signal | \$1 |
| 0.6805 1.4694 0.0000 0.0000 0.5756 1.7372 0.6752 1.4722 0.000 0.3000 | 0.0019 0.0052 0.0025 0.0046 | 1500.0 0500.0 7100.0 | Brust Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal | 01 |
| 0000.0 lebnu | TUMOR #Haeufigkeit 0.0000 | £720.0 | ВЈязе | S |

| | NORMAL %Haeufigkeit 0.0156 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | N/T undef | eltnisse T/N 0.0000 undef | 5 |
|------------------------|--|---|--------------|------------------------------------|----|
| Duenndarm | | 0.0000 | | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef | |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | | undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 0.0000 | | undef ' | |
| | 0.0011 0.0000 | 0.0000 | | undef | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef | | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| _ | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUE | STRAHIERTE BIE | зътотне | KEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | • | | | |
| Eierstock n | | | | | |
| Eierstock t | | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | • | | | |
| | 0.0000 | | | | 60 |
| - | 0.0000 | | | | |
| | 0.0010 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | 65 |

| | | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | \$9 0 9 \$\$ |
|---|--------------------------------------|--|---|---------------------------|
| PIOTHEKEN | BIE ETREIHARTE | NORMIERTE/SUE | | 05 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Herz-Blutgefaesse Lunge Lunge Mebenniere | \$\$ 0\$ |
| | | 0.000 | Entwicklung Gastrointenstinal | SE |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 52 |
| nuqet nuqet | 0000.0 | 0000.0 | Pankreas Penis | 07 |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0.000 | Niere | 50 |
| undef undef | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | |
| labnu labnu | 0000.0 | 0000.0 | Punge | |
| Japun Japun | 00000 | 0000.0 | | \$1 |
| undef undef | 0000.0 | 0000.0 | Hersch | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Haut | |
| undef undef | 0000.0 | | Наематороетіясь | |
| labnu labnu | 0000.0 | | Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| labnu labnu | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| lebnu lebnu | . 0000.0 | | Eierstock | |
| nudef undef | 0000.0 | 0000.0 | Duenndarm | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | 9510.0 | | \$ |
| | &Haeufigkeit | %Haeufigkeit | | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | ЛОВМА Г | | |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------------------|---------------|----------------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| | 0.0156 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| | 0.0026 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | | 0.0078 | 0.7675 1.3029 | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0025 | 1.3585 0.7361 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 0.9260 | |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0053 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 20 |
| Pankreas | | 0.0166 | 0.0000 undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Prostata | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef undef | |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| | 0.0020 | | | |
| Zelvix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | _ | | | |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUE | STRAHTERTE BIE | ILTOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0136 | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock t | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | 55 |
| | 0.0041 | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | 0.0000 | | | 65 |
| - · · · · · · · · - | | | | |

| ВГІОТНЕКЕ И | та этязінаята | #Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Haut Haut Hoden | 59 09 \$\$ |
|---|--|--|--|------------------|
| | | | | 0.5 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Lunge Nebenniere | SÞ |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 017 |
| | | 0000.0 | Entwicklung Gastrointenstinal | SE |
| | | 0000.0 | Prostata-Hyperplasie Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | \$7 |
| undef undef | 0000.0 | | Pankreas | 50 |
| labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 | Wagen-Speiseroehre Muskel-Skelett | |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Terz Heten | \$1 |
| labru labru labru labru labru labru labru 0000.0 labru labru labru labru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Eidokrines Gewebe Gastrointestinal Gastrointestinal Haematopoetisch | 01 |
| Verhaeltnisse N/T T/N Nonco Tabnu Tabnu Tabnu Tabnu Tabnu | TUMOR åHaeufigkeit 0.0000 0.0000 | 0.0312 0.0000 | | ς |

| Brust Duenndarm | 0.0195 0.0000 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T undef undef undef | undef | 5 |
|--|--|--|--------------------------------|--|----|
| Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0037 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0010 0.0000 0.0000 | | undef undef undef undef 0.0000 | 10 |
| Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0011 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | 0.0000 undef undef undef | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0027 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0055 0.0000 0.0000 | 0.0000 undef undef | 0.0000 undef undef undef | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0076 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | 0.0000 | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0028 | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0039 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit | STRAHIERTE BIE | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0032 0.0000 0.0000 0.0020 | | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

| | | 0000.0 | | \$9 |
|---------------|----------------|----------------------------|--|-----|
| | | 0000.0 0000.0 7200.0 | Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 09 |
| | | 0000.0 | Brust Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe | SS |
| 3TIOLHEKEN | STRAHIERTE BIE | | | |
| Manual I | ara amanameame | ano, amadamadic | | 05 |
| | | 0.000 | Placenta Prostata Sinnesorgane | |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere Niere | St |
| | | 0000.0 | Hepatisch | ۸. |
| | | 0000.0 | Haematopoetisch Juah | 07 |
| | | | mrineD Tariteonotemeev | |
| | | 0000.0 | Gastrointenstinal | |
| | | | Entwicklung | cc |
| | | #Haeufigkeit | | 35 |
| | | JIMEO G | | |
| | | 9070*0 | Zervix | |
| | | 0000.0 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | Prostata-Hyperplasie Samenblase | |
| | | | Brust-Hyperplasie | |
| Japun Japun | 0000.0 | 0000.0 | Ωrerna_allgemein | 52 |
| 0000.0 lebnu | 0000-0 | | Uterus_Myometrium | |
| mdef undef | 0000.0 | | Prostata Uterus_Endometrium | |
| undef undef | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 19bau 0000.0 | 5200.0 | | Pankreas | 50 |
| undef undef | 0000.0 | 0.000 | <u>Й</u> іеге | UL |
| nudet undet | 0.000.0 | | Wagen-Speiseroehre | |
| 0.000.0 undef | 0.0020 | 0000.0 | | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | | |
| undef undef | 0000-0 | 0,000 | zıəH | \$1 |
| . lebnu lebnu | 0000.0 | | Нератізсл | |
| undef undef | 0000.0 | 0000.0 | Наематороетіясh | |
| 19ban 0000.0 | 0100.0 | | Gehirn | |
| 0.000 undef | £600.0 | 0,000 | Gastrointestinal | 01 |
| lebnu lebnu | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| undef undef | 0000.0 | | Duenndarm Eierstock | |
| nudef undef | 0000.0 | 0000 0 | | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | S610.0 | | ς |
| · · | *Haeufigkeit | | | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | NORMAL | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

| | NORMAL | TUMOR | Verhae | ltnisse | |
|---------------------------------------|---------------|---------------|---------|---------|-----------|
| | | %Haeufigkeit | | T/N | |
| | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | , |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef | | |
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | under | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | | |
| - | 0.0000 | 0.0000 | | undef ' | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0077 | 0.0000 | | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Prostata | | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 30 |
| 301 V 211 | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | 33 |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Placenta | | | | | 45 |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| - | | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | ŒN | 50 |
| B | %Haeufigkeit | | | | |
| Eierstock n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n Eierstock t | | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | | 55 |
| Foetal | | | | | <i>JJ</i> |
| Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |
| | | | | | |

```
Uterus_n 0.0083
                                                                   59
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                  Prostata 0.0000
                                  Nerven 0.0040
                                  Lunge 0.0082
                                  Hoden 0.0000
                                                                   09
                                  Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0228
                                  Gastrointestinal 0.0122
                                  Foetal 0.0012
                                  Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                   SS
                                  Eierstock t 0.0000
                                 Eierstock n 0.0000
                                 Brust 0.0136
                           {\tt \$Hae} u {\tt figkeit}
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                   05
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                  Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                   57
                                  Niere 0.0000
                                 Webenniere 0.0000
                                  10000.0 apmul
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                  Hepatisch 0.0000
                                  Maut 0.0000
                                                                   07
                                  Haematopoetisch 0.0000
                                  Gehirm 0.0000
                                 Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0028
                           #Haeutigkeit
                                                                   Sε
                                  FOETUS
                                  Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0009
                                                                  30
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                  Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0030
                                  Brust-Hyperplasie 0.0000
 nudef undef
                                 Uterus_allgemein 0.0000
                    0.000
                                                                  57
 jəpun jəpun
                    0000.0
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
 undef undef
                    0.000
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
8526.1 8112.0
                    0.0043
                                 Prostata 0.0022
 undef undef
                    0.000
                                 Penis 0.0000
 undef undef
                    0000.0
                                 Pankreas 0.0000
                                                                  50
0.7'930 1.2610
                    8900.0
                                 Niere 0.0054
undef 0.0000
                    0.000
                                 Muskel-Skelett 0.0017
 labru labru
                    0.000
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
                                 Innge 0.0010
$896°T 0805°0
                    0.0000
 mdef undef
                    0000.0
                                 Hoden 0.0000
                                                                  51
undef 0.0000
                    0,000
                                 Herz 0.0011
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Mepatisch 0.0000
undef 0.0000
                    0000.0
                                 Haut 0.0037
 nudef undef
                                 Haematopoetisch 0.0000
                    0.000.0
 nudef undef
                    0.000
                                 Gehirn 0.0000
                                                                  10
0.4142 2.4145
                    6600.0
                                 Gastrointestinal 0.0038
0000.0 lebru
                    0000.0
                                 Endokrines_Gewebe 0.0051
0000.0 lebru
                    0000.0
                                 Eierstock 0.0030
 jəbnu ləbnu
                    0.000
                                 Ouenndarm 0.0000
                                 Brust 0.0026
0000.0 lebnu
                    0000.0
                                                                  ς
0000.0 lebm
                    0000.0
                                 Blase 0.0156
         %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
  N/T
Verhaeltnisse
                     ROMUT
                                 NORMAL
```

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-----------------------------|---------------|--------------------------------|-----------------------------|----|
| Rlaco | 0.0156 | <pre>%Haeufigkeit 0.0000</pre> | N/T T/N undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 5 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0025 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0007 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 13 |
| Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 3.9367 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0027 | 0.0000 | undef undef undef 0.0000 | |
| Pankreas | | 0.0055 | 0.0000 undef | 20 |
| | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 undef | |
| Prostata | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 undef | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | 0.0000 | | • | 40 |
| Hepatisch | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| Lunge Nebenniere | 0.0036 | | | |
| | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| 3 | | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| _ | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n Eierstock t | | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | 55 |
| Foetal | | | | 33 |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0077 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |
| | | | | |

| | | 0000.0 | Merroen Nerven Sinnesorgane Uterus n | \$9 |
|---------------|--------------|--------------------------------------|--|-----|
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | 09 |
| | | 0000.0 0000.0 | Brust Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal | ss |
| | | &Haeufigkeit | | |
| PIOTHEKEN | HER BIR BIE | NORMIERTE/SUR | | os |
| | | | | US |
| | | 0000:0 | Sinnesorgane | |
| | | | stateorq agenyosoggi2 | |
| | | | Ртасепта | |
| | | 0000.0 | | 50 |
| | | 0.000 | Иереппіеге | |
| | | 0000.0 | | |
| | | | Herz-Blutgefaese | |
| | | 0000.0 | Hepatisch | 0Þ |
| | | | Haematopoetisch | ٠, |
| | | | Серіти | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | | Ептміск | |
| | | %Haeufigkeit | | 32 |
| | | FOETUS | | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | Zervik | |
| | | | Mersse Brarkoerper | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Samenblase | |
| | | 0000.0 | Prostata-Hyperplasie | |
| 700.m 700.m | | 0000-0 | Brust-Hyperplasie | |
| labau labau | 0000.0 | | Uterus_Myometrium Uterus_allgemein | 52 |
| Jabau Jabau | 0000.0 | | Uterus Endometrium | |
| Jəpun Jəpun | 0000.0 | | Prostata | |
| . jəbnu ləbnu | 0000.0 | 0000.0 | Penis | |
| lebnu lebnu | 0,000 | | Pankreas | 70 |
| Jebnu Jebnu | 0000.0 | 0000.0 | Muskel-Skelett Niere | |
| undef undef | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| labau labau | 0000.0 | 0000.0 | | |
| jəpun jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| .lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | ZIƏH | \$1 |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0.000.0 | Hepatisch | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | _ | |
| Japun Japun | 000010 | | Haematopoetisch | |
| nudef undef | 0000.0 | | Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| Japan Japan | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | | Eierstock | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Duenndarm | |
| undef undef | 0000.0 | 000000 | | _ |
| 9.1527 0.1093 | 0.0026 | 0.0234 | Blase | ς |
| | #Haeufigkeit | | | |
| Verhaeltnisse | ROMUT | NORMAL | | |

| Brust Duenndarm | 0.0273 0.0000 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T undef undef undef | undef | 5 |
|--|--|---|--|---|----|
| Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 10 |
| Hoden | 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0117 0.0020 0.0000 | undef undef 0.0000 0.0000 undef | undef undef | 15 |
| Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef undef undef | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0028 | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| | NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN . | 50 |
| Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0700.0 0000.0 | Pringe | 59 09 |
|---|--------------------------------------|--|--|------------|
| | | 0.0203 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe | SS |
| BFIOLHEKEN | ів этязінаята | | | 00 |
| | | · | | 0\$ |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere Lunge | SÞ |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Gehirn Haematopoetisch | 0 Þ |
| | | | Entwicklung Gastrointenstinal | SE |
| | | 0000°0 0000°0 6000°0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 9ε |
| 19bm 19bm 19bm 0000.0 19bm 19bm 19bm 19bm 19bm 19bm | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000°0 0000°0 0000°0 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 57 |
| undef 0.0000 | 0000.0 | 0600.0 | Pozis | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | r200.0 | Иіете | 50 |
| 19bnu 0000.0 | 0900-0 | 0000.0 | Muskel-skelett | |
| Jebnu Jebnu | 0000.0 | | bund Aagen-Speiseroehre | |
| labnu labnu | 0000.0 | | пэрон | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | 0.0021 | zıəH | \$1 |
| . lebnu lebnu | 0000.0 | | Hepatisch | |
| Jebnu Jebnu | 0000.0 | 0000.0 | Наетатороесізсь Наы | |
| 1.0799 0.9260 madef undef | 1200.0 0000.0 | | nridəə ApsitaoqotemasH | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | 8500.0 | Gastrointestinal | 01 |
| 0000.0 leban | 0000.0 | TS00°0 | Endokrines_Gewebe | |
| undef 0.0000 | 0000.0 | | Eierstock | |
| 0000.0 lebm | 0000.0 | | Brust Duenndarm | |
| 0000.0 lebru 1.3611 0.7347 | 0000°0 0°000 | | Blase | ς |
| N/T T/N | %Haeufigkeit | | | |
| Verhaeltnisse | ROMUT | TAMAON | | |
| | | | | |

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe | 0.0156 0.0000 0.0061 0.0030 0.0034 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0165 0.0052 0.0075 | | undef 2.6973 1.7372 2.2083 | | 5 |
|--|--|---|-----------------------------------|---|---|----|
| Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch | 0.0067 0.0000 0.0000 | 0.0046 0.0051 0.0000 0.0000 | | 0.7716 undef undef | 1 | 10 |
| Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0074 0.0000 0.0031 0.0097 | 0.0000 0.0117 0.0061 0.0077 0.0120 | 0.0000 0.5080 1.2605 | 0.0000 undef 1.9684 0.7933 3.5020 | 1 | 15 |
| Pankreas | 0.0081 0.0066 0.0060 | 0.0068 0.0000 0.0000 | 1.1896 undef undef undef | 0.8406 0.0000 0.0000 undef | 2 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0153 0.0000 | 0.0000 0.0068 0.0000 | undef 0.0000 undef | | 2 | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 0.0061 | | | | 3 | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0056 | | | | 3 | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0036 | | | | 4 | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0249 | | | | 4 | 45 |
| | | BTRAHIERTE BI | BLIOTHE | CKEN | 5 | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0152 0.0000 0.0064 0.0000 | | | | 5 | 55 |
| Lunge Nerven | 0.0130 0.0000 0.0082 0.0010 | | | | • | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | | • | 65 |

| | | | 0000.0 | Ocerna | 59 |
|---------|---------|---------------|------------------|------------------------|------|
| | | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | Nerven | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | 0000.0 | | 09 |
| | | | | Haut-Muskel | |
| | | | | Haematopoetisch | |
| | | | | Gastrointestinal | |
| | | | | Endokrines Gewebe | |
| | | | | Eierstock t | SS |
| | | | | Eierstock n | |
| | | | 8900.0 | • | |
| | | | %Haeufigkeit | u | |
| KEN | PLIOTHE | HERTE BIE | | | |
| | | | | | 95 |
| | | | | 5 | |
| | | | | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | Placenta | 57 |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | убрания | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | • | | Herz-Blutgeraese | |
| | | | | Hepatisch | 01⁄2 |
| | | | 0000.0 | Наематороеtisch | 0, |
| | | | | Gehira | |
| | | | | Gastrointenstinal | |
| | | | | Entwithe | |
| | | | %Haeufigkeit | zan (45 intag | 32 |
| | | | FOETUS | | 36 |
| | | | Sheada | | |
| | | | | | |
| | | | | Xervix | |
| | | | | Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| | | | | Sinnesorgane | |
| • | | | | Samenblase | |
| | | | | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | | Brust-Hyperplasie | |
| | Japun | 0000.0 | | Uterus_allgemein | 57 |
| | Japun | 0000.0 | | Uterus_Myometrium | |
| | nudeí | 00000 | | Uterus Endometrium | |
| Japan | 0.000 | 0.0043 | | Prostata | |
| Jabau | Japun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 0000.0 | labnu | 0000.0 | | Land Markers | 20 |
| 0000.0 | Japan | 0000.0 | 7100.0 7200.0 | Muskel-Skelett | |
| Japun | Jabnu | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| Jebnu | Jebnu | 0000.0 | 0000.0 | | |
| | Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| | jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | \$1 |
| . lebau | Jabau | 0000.0 | | Hepatisch " | |
| Jəpun | Jəpun | | 0000.0 | | |
| Jaban | Jəpun | 0000.0 | | Наематороетізсл | |
| 0.4630 | | 0.0010 | | Gehirn | |
| 0.000 | Jabnu | . 0000°0 | | Gastrointestinal | 01 |
| Jəpun | Jəpun | 0000.0 | | Eudokrines Gewebe | |
| 0.000 | Japun | 0000.0 | | Ejerstock | |
| 0000.0 | lebnu | 0000-0 | | Duenndarm | |
| mqeį | lebnu | . 0000*0 | 0000.0 | | |
| 0.000 | Jəpun | 0000.0 | 9510.0 | Blase | S |
| N/I | | \$Haeufigkeit | &Haeufigkeit | | |
| essintl | Леграе | AOMUT | NORMAL | | |
| | | | | | |

| | NORMAL %Haeufigkeit 0.0351 0.0026 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0075 | Verhaeltnisse N/T T/N 6.8645 0.1457 0.3403 2.9389 | 5 |
|--------------------------------------|--|---|--|----|
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0052 | 0.0000 undef | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gastrointestinal | | 0.0046 | 0.4142 2.4145 | 10 |
| Gehirn | | 0.0041 | 0.3600 2.7779 | |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 2.0326 1.0161 0.9842 | |
| | 0.0042 | 0.0041 | undef undef | |
| Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | | 0.0000 0.0120 | 0.0000 undef | |
| | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | |
| | HORMIA | | | |
| | FOETUS | | | 25 |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| _ | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | | | | 43 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| _ | | | | |
| | | | DI TOMURUEN | 50 |
| | | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | |
| . | %Haeufigkeit 0.0000 | | | |
| | | | | |
| Eierstock_n | | | | |
| Eierstock_t Endokrines Gewebe | | | | 55 |
| | 0.0012 | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | 0.0000 | | | |
| | 0.0050 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | | | | 65 |
| _ | | | | |

```
Uterus_n 0.0000
                                                                  59
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Nerven 0.0000
                                 Unnge 0.0000
                                 Moden 0.0001
                                                                  09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0000
                                 Foetal 0.0000
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                  ςς
                                 Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
                                 0000.0 Jeuza
                           &Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  05
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                  SÞ
                                 Miere 0.0000
                                 Mebenniere 0.0000
                                 Lunge 0.0000
                                 Herr-Blutgefaesse 0.0000
                                 Hepatisch 0.0000
                                                                  04
                                 Maut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0000
                                 Entwicklung 0.0000
                           $Haeufigkeit
                                                                  Sε
                                 EOELUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                                  30
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                 Brust-Hyperplasie 0.0000
 undef undef
                    0.000
                                 Uterus_allgemein 0.0000
                                                                  52
 jəpun jəpun
                    0000.0
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
                    0.000
 labnu labnu
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                 Prostata 0.0000
 Jəpun Jəpun
                    0.000
                                 Penis 0.0000
 nuget nuget
                                 Pankreas 0.0000
                    0000.0
                                                                  50
 Jəpun Jəpun
                    0000.0
                                 Miere 0.0000
 Jabnu labnu
                    0000.0
                                 Muskel-Skelett 0.0000
 labnu labnu
                    0.000
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
 labru labru
                    0.000
                                 Lunge 0.0000
 mudef undef
                    0000.0
                                 0000.0 пэрон
                                                                  51
 Jabnu labnu
                    0.000
                                 0000.0 SY9H
                    0000.0
 Jaban laban
                                 Hepatisch 0.0000
 Jabnu labnu
                    0.000
                                 Haut 0.0000
 Jabnu labnu
                    0000.0
                                 Haematopoetisch 0.0000
 lebru lebru
                                 Gehirn 0.0000
                    0.000
                                                                 01
 Jəpun Jəpun
                    0000 0 .
                                 Gastrointestinal 0.0000
                    0000.0
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Jaban laban
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                 Eierstock 0.0000
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Duenndarm 0.0000
 Jabam laban
                    0.000.0
                                 0000.0 Jeura
undef 0.0000
                                                                  ς
                    0.000
                                 Blase 0.0156
         % Haeufigkeit % Haeufigkeit N/T
   N/T
Nerhaeltnisse
                     TUMOR
                                 NORMAL
```

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | 0.0195 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T undef undef undef undef undef undef | undef undef undef undef undef | 5 |
|--|--|---|---|--|----|
| Haut Hepatisch Herz Hoden Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef undef undef | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0030 0.0000 | 0.0000 0.0060 0.0000 0.0000 0.0000 | undef | undef undef undef 0.0000 undef | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Brust Eierstock n | NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Lunge Nerven Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | | | | | 65 |

| эгіоднекей | 318 3TASIHAATE | ###################################### | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | \$9 09 \$\$ |
|--|--|--|---|-------------------|
| | | | | 05 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Lunge Nebenniere | 57 |
| | · | 0000.0 | пінае Наемаtopoetisch | 017 |
| | | | Entwicklung Gastrointenstinal | 32 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Samenblase Sinnesorgane Servix Zervix | 30 |
| 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu 1əbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Pents Prostate Prostate Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Uterus_allgemein Uterus_allgemein Uterus_Allgemein | 72 |
| lebau lebau | 0000.0 | 11111 | Pankreas | 70 |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | | 30 |
| undef undef | 0000.0 0000.0 | | Wagen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre | |
| lebau lebau | 0000.0 | 0000.0 | | |
| labnu labnu | 0000.0 | 0000.0 | | SI |
| undef undef | 0000.0 | 0000.0 | Hepatisch | - |
| lebau lebau | 0000.0 | 0000.0 | | |
| nudef undef | 0000.0 | 0000.0 | Haematopoetisch | |
| undef undef | 0000.0 | | Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| labau labau | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Eierstock | |
| Jebnu Jebnu | 0000.0 | | misbring | |
| 9.1527 0.1093 19bnu 19bnu | 0.0026 0.0000 | 0.000.0 0.0000 | | ς |
| | %Haeufigkeit | | | _ |
| Verhaeltnisse | HOMUT | NORMAL | | |
| | | | | |

| Place | | TUMOR %Haeufigkeit | N/T | eltnisse T/N | |
|-------------------------------------|------------------|-----------------------|----------------|-----------------|----|
| | 0.0390 0.0000 | 0.0000 0.0000 | under | 0.0000 | 5 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef | | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0000 | | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | undef | •• |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | • | |
| | 0.0000 0.0000 | 0.0000 | undef | | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef | | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef | | |
| _Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | | | | | 20 |
| Zervix | | | | | 30 |
| Zetvik | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| _ | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | • | | | |
| Placenta | | | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUE | מים שיימשדוומקיי | መደር ነ | KEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | TAMILEVIE DIE | TTO I III | Pinara | |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock n | | | | | |
| Eierstock t | | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | |
| Nerven | | | | | |
| Prostata Sinnesorgane | | | | | |
| Sinnesorgane Uterus n | | | | | |
| ocerus_n | 0.0000 | | | | 65 |
| | | | | | |

| EKEN | HIOITE | тив етизінаяте | ###################################### | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Haut Haut Hoden | 59 09 SS |
|---|---|--|--|--|----------------|
| | | | | | |
| | | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Nebenniere | SÞ |
| | | | 0000°0 0000°0 | Hepatisch Herz-Blutgefaese | 0 þ |
| | | | 0000.0 0000.0 | Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | SE |
| • | | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | nudef Jaban | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000°0 0000°0 0000°0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 572 |
| undef undef undef | Jəpun | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000*0 | Muskel-Skelett Wiere Pankreas | 50 |
| labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu | undef undef undef undef undef | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatised Taeh Hoden Lunge Aggen-Speiselvenser | ς۱ |
| labnu labnu labnu labnu labnu | lebnu lebnu lebnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000°0 0000°0 0000°0 | Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| T/W T/W 0.0000 undef | T\N lebm lebm | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | 2610.0 0000.0 | Blase Brust | S |

| | 0.0060 0.0068 0.0038 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0077 0.0075 0.0000 0.0260 0.0125 0.0278 0.0144 | Verhaeltnisse N/T T/N 11.1866 0.0894 1.3611 0.7347 undef 0.0000 0.2303 4.3431 0.5434 1.8403 0.1381 7.2434 0.1543 6.4818 | 5 |
|--|--|---|---|----|
| Hepatisch - Herz Hoden | 0.0734 | 0.0379 0.1695 0.0194 0.0137 0.0468 0.0164 | 0.0353 28.3379 0.4332 2.3084 0.0000 undef 1.1565 0.8647 0.0000 undef 0.4445 2.2496 | 15 |
| Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis Prostata | 0.0000 0.0069 0.0163 0.0066 0.0210 0.0044 | 0.0230 0.0180 0.0000 0.0055 0.0267 0.0021 | 0.0000 undef 0.3807 2.6265 undef 0.0000 1.1966 0.8357 0.7862 1.2719 2.0473 0.4885 undef 0.0000 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0076 0.0255 0.0128 | 0.0000 0.0068 0.0000 | 1.1223 0.8911 undef 0.0000 | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0235 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | 35 |
| Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 45 |
| Sinnesorgane | NORMIERTE/SUI %Haeufigkeit | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | 0.0051 0.0245 0.0128 | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0155 | | | 65 |

| эггоднекей | ия атязінаята | #Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Haut-Muskel | 59 09 55 |
|---|--|--|--|----------------|
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisech Herz-Blutgefaesse Lunge Mebenniere | St Ot |
| | | %Haeufigkeit FOETUS | | 35 |
| | | 0000°0 0000°0 0000°0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 9ε |
| labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 57 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 | Балктеа | 50 |
| labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Haut Hepatisch Terz Hoden Hoden Lunge | \$ 1 |
| labru | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000°0 0000°0 0000°0 | Eidokrines Gewebe Endokrines Gewebe | 01 |
| Verhaeltnisse N/T T/N Ndef 0.000.0 mdef mdef Tabam Tabam | 0000-0 | 0.0234 0.0000 | Blase | S |

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe | 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T | undef undef undef | 5 |
|--|--------------------------------------|--|--|----------------------------------|----|
| Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef | 10 |
| Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | undef undef | 15 |
| Pankreas | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 20 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 | undef undef | | 25 |
| Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 | | | | 30 |
| | 0.0000 0.0000 | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Eierstock_n | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | STRAHIERTE BI | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | | | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0000
                                                                       59
                                        Sinnesorgane 0.0155
                                       Prostata 0.0068
                                       Nerven 0.0040
                                       Lunge 0.0082
                                       0000.0 neboH
                                                                       09
                                       Haut-Muskel 0.0162
                                       Haematopoetisch 0.0000
                                       Gastrointestinal 0.0000
                                       Foetal 0.0082
                                       Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                       ςς
                                       Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0101
                                       Brust 0.0204
                                 &Haeufigkeit
          NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                       ٥٥
                                       Sinnesorgane 0.0251
                                       Prostata 0.0000
                                       Placenta 0.0061
                                                                       57
                                       Niere 0.0000
                                       Webenniere 0.0000
                                       500.0 epnul
                                       Herz-Blutgefaesse 0.0071
                                       Hepatisch 0.0000
                                       Haut 0.0000
                                       Haematopoetisch 0.000
                                       Gehirn 0.0000
                                       Gastrointenstinal 0.0167
                                       Entwicklung 0.0000
                                 $Haeufigkeit
                                                                       Sε
                                       EOETUS
                                       Zervix 0.0000
                                       Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                       Sinnesorgane 0.0000
                                       Samenblase 0.0089
                                       Prostata-Hyperplasie 0.0238
                                       Brust-Hyperplasie 0.0320
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       Uterus_allgemein 0.0102
                                                                       52
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       Uterus_Myometrium 0.0152
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       Uterus_Endometrium 0.0135
      1.7913 0.5582
                         2800.0
                                      Prostata 0.0153
      0000.0 lebnu .
                          0.000
                                       Penia 0.0509
      0000.0 lebnu
                         0000.0
                                       Pankreas 0.0033
      0000.0 lebru
                         0000.0
                                      Niere 0.0054
      0000.0 leban
                         0000.0
                                      Muskel-Skelett 0.0086
       1.0000 undef
                         TT00.0
                                       Magen-Speiseroehre 0.0000
                                      Lunge 0.0010
      0.2540 3.9367
                         1400.0
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       8200.0 naboH
                                                                       51
      0000.0 lebnu
                         0.000
                                       Herz 0.0244
      2.9412 0.3400
                          5900.0
                                      Hepatisch 0.0190
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       Maut 0.0184
      undef 0.0000
                          0000.0
                                      Haematopoetisch 0.0013
      1.9199 0.5209
                          2900.0
                                       Gehirn 0.0118
                                                                       01
      0000.0 lebnu
                         0.000
                                       Gastrointestinal 0.0307
                                       Endokrines_Gewebe 0.0000
       1.0000 undef
                          2700.0
      1.7269 0.5791
                          0.0052
                                       Eierstock 0.0090
      0000.0 lebnu
                          0.000
                                       Duenndarm 0.0123
0860.0
           10.2079
                          6100.0
                                       Brust 0.0192
      7.6272 0.1311
                          LL00.0
                                       Blase 0.0585
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T T/N
      Verhaeltnisse
                          TUMOR
                                       JAMAON
```

| | NORMAL | TUMOR | | ltnisse | |
|-----------------------------|------------------------|---------------|----------------|------------------|----|
| Place | *Haeufigkeit 0.0156 | %Haeufigkeit | | T/N | |
| | 0.0136 | 0.0000 | | 0.0000 0.0000 | 5 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | | undef | | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0000 | undef | | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0007 | 0.0000 | | 0.0000 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | | undef ' | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 13 |
| Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | | 0.0000 | undef undef | | 20 |
| | 0.0030 | 0.0000 | | 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| - | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | 45 |
| Prostata | | | • | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | ŒN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | | | | | |
| Eierstock_t | | | | | 56 |
| Endokrines_Gewebe | | | | | 55 |
| Foetal Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | |
| Nerven | | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |
| | | | | | |

| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Eierstock n Eierstock t Eierstock t Endokrines Gewebe Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 59 09 55 |
|-----------------------------|----------------|--|--|----------------|
| PIOTHEKEN | BIE ETREIHARTE | NORMIERTE/SUE | | 05 |
| | | | | |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Herz-Blutgefaesse Lunge Mebenniere Miere Placenta Prostata Sinnesorgane | SÞ |
| | | | Hepatisch | 01⁄2 |
| • | | 0000.0 | | 0, |
| | | | nzidəə Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | 0000.0 | Entwicklung | |
| | | %Haeufigkeit | | 35 |
| | | EOETUS | | |
| | | 0000°0 0000°0 0000°0 | Brust-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| nuqet muqet | 0000.0 | | Uterus_allgemein | 52 |
| Jabnu labnu | 0000.0 | | Uterus_Myometrium | ,,, |
| iebnu lebnu | 0000.0 | | Uterus_Endometrium | |
| Japun Japun | 0000.0 | | Prostata | |
| undef undef | 0000.0 | 0000.0 | Pankreas Penis | |
| Jebnu lebnu | 0000.0 | | Иіеге | 70 |
| lebnu lebnu | 0.000 | 0000*0 | Wuskel-Skelett | |
| Jabnu labnu | | 0000.0 | | |
| indef undef | 0.0020 | 0000.0 | | |
| . jəpun jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | \$1 |
| Jebnu lebmu | 0000.0 | | нераtіsch | |
| lebnu lebnu | 0.000 | 0000.0 | Jush | |
| Japun Japun | 0000.0 | | Haematopoetisch | |
| Japun Japun | 0000.0 | | TRITT SECUTION SEC | 01 |
| undef 0.0000 indef undef | 0000.0 | 0000.0 | Endokrines Gewebe Gastrointestinal | |
| Jebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | | Duenndarm | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | 0000.0 | Brust | ç |
| 0000.0 lebnu | 0.000.0 | 0.0195 | | > |
| Verhaeltnisse N/T T/N | TUMOR | | | |
| contationday. | q0MIIT. | NORMAL | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

| | NORMAL | TUMOR %Haeufigkeit | | ltnisse T/N | |
|--|---|-----------------------|----------|----------------|----|
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | | 0.0000 | |
| | 0.0013 | 0.0000 | | 0.0000 | 5 |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0025 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | | 10 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | • | |
| | 0.0000 | 0.0000 | | 0.0000 | 15 |
| | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef | | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | 0.0000 | | undef | | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| $\mathtt{Uterus_Myometrium}$ | | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | | | | | |
| Weisse_bluckoerperchen Zervix | | | | | 30 |
| Zelvix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Lunge Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Nebenniere Niere Placenta | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHTERTE BIR | I.TOTHEK | F:N | 45 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0012 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEK | EN | 50 |

```
Uterus_n 0.0000
                                                                         59
                                        Sinnesorgane 0.0000
                                        Prostata 0.0000
                                        Иетven 0.0000
                                        Lunge 0.0000
                                        Moden 0.0000
                                                                         09
                                        Haut-Muskel 0.0000
                                        Haematopoetisch 0.0000
                                        Gastrointestinal 0.0000
                                        Foetal 0.0012
                                        Endokrines_Gewebe 0.0245
                                                                         ςς
                                        Eierstock t 0.0000
                                        Eierstock_n 0.0000
                                       Brust 0.0000
                                 %Haeufigkeit
          NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                         05
                                       Sinnesorgane 0.0000
                                        Prostata 0.0000
                                        Placenta 0.0000
                                                                         SÞ
                                       Niere 0.0000
                                        Webenniere 0.0000
                                       Lunge 0.0000
                                        Herz-Blutgefaesse 0.0142
                                        Hepatisch 0.0000
                                                                         04
                                        Haut 0.0000
                                        Haematopoetisch 0.0000
                                        Gehirn 0.0000
                                        Gastrointenstinal 0.000
                                       Entwicklung 0.0000
                                 &Haeufigkeit
                                                                         32
                                       FOETUS
                                        Zervix 0.0000
                                        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                                         30
                                        Sinnesorgane 0.0000
                                        Samenblase 0.0000
                                        Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                        Brust-Hyperplasie 0.0032
       undef undef
                          0.000
                                        Uterus_allgemein 0.0000
                                                                         52
       undef undef
                          0.000
                                        Uterus_Myometrium 0.0000
      undef 0.0000 undef 0.0000
                                       Uterus_Endometrium 0,0068
                         00000
                                        Prostata 0.0022
                          0000.0
                          7920.0
       0.000 undef
                                       Penis 0.0000
       0.000 undef
                          2200.0
                                       Pankreas 0.0000
                                                                         50
       lebnu lebnu
                          0000.0
                                       Miere 0.0000
      undef undef
undef 0.0000
                          0000.0
                                        Muskel-Skelett 0.0017
                                       Magen-Speiseroehre, 0.0000
                          0000.0
                                       Lunge 0.0021
                          T900'0
      0.3387 2.9526
       1.0000 undef
                          TIIO.0
                                        0000.0 naboH
                                                                         51
      undef 0.0000
                          0000.0
                                       Herz 0.0021
       undef undef
                          0000.0
                                        Hepatisch 0.0000
       Jəpun Jəpun
                          0000.0
                                        Maut 0.0000
                          6750.0
       1.0000 undef
                                        Haematopoetisch 0.0000
       0.000.undef
                          0.0021
                                        Gehirn 0.0000
                                                                         01
       lebnu lebnu
                          0.000
                                        Gastrointestinal 0.0000
                          0000.0
       undef undef
                                        Endokrines_Gewebe 0.0000
       0.000 undef
                          0.0052
                                        Eierstock .0.0000
                                        Duenndarm 0.0000
       lebau lebau
                          0.000
      0000.0 laban
                          0.000.0
                                        Brust 0.0013
                                                                         ς
                                        Blase 0.0702
           0824.72
P960.0
                          0.0026
         N/L
               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
      Verhaeltnisse
                           AOMUT
```

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---------------------------------------|------------------|------------------|-------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 0.1457 | 5 |
| | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 0.7347 | |
| Duenṇdarm Eierstock | | 0.0000 0.0104 | undef 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0000 | 0.0000 undef undef 0.0000 | |
| Gastrointestinal | | 0.0093 | 0.2071 4.8289 | |
| | 0.0067 | 0.0010 | 6.4796 0.1543 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0117 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0058 0.0010 | 0.0000 | undef 0.0000 | 13 |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0041 | 0.2540 3.9367 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | 1.2605 0.7933 undef 0.0000 | |
| | 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | 30 |
| Zervix | | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn Haematopoetisch | | | | |
| - | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0072 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | FRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n Eierstock t | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | 55 |
| Foetal | | | | 33 |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| Hoden | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | | | | |
| Prostata Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | | | | |
| 000140_11 | | | | 65 |

| | | 0000.0 | n_cerus_n | |
|--------------------------|--|-----------------|------------------------|----|
| | | | Sinnesorgane | 59 |
| | | | | |
| | | | Prostata | |
| | | | Истуст Вилого | |
| | | 0000.0 | | |
| | | 0000.0 | | 09 |
| | | | Haut-Muskel | |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointestinal | |
| | | | _Foetal | |
| | • | | Endokrines_Gewebe | SS |
| | | 0000.0 | Eierstock_t | |
| | | 0000.0 | Eierstock n | |
| | | 0.000 | Brust | |
| | | \$Haeufigkeit | | |
| PLIOTHEKEN | STRAHIERTE BIE | NORMIERTE/SUE | | |
| | | | | 90 |
| | | | _ | |
| | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | 0000.0 | Prostata | |
| | | 0,000 | Placenta | |
| | | 0.000 | Niere | 54 |
| | | 0000.0 | Иереппіете | |
| | | 0000.0 | pringe | |
| | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | Hepatisch | |
| | | 0000.0 | | 0⊅ |
| | | | Наематороетівсь | |
| | | | Серіти | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | | Ептитски | |
| | | %Haeufigkeit | manifold invitation | Sε |
| | | FOETUS | | 30 |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | XLVISZ | |
| | | | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Samenblase | |
| | | | Prostata-Hyperplasie | |
| | | 0000.0 | Brust-Hyperplasie | |
| nudel undel | 0000.0 | | Uterus_allgemein | 52 |
| ləbmn ləbm | 0.000.0 | 0000.0 | Uterus_Myometrium | 30 |
| undef undef | 0.000.0 | 0000.0 | Uterus_Endometrium | |
| jəbnu ləbnu | 0000.0 | 00000 | Prostata | |
| Jəpun Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | penis | |
| Jəpun Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | Sukreas | 07 |
| mudef undef | 0,000.0 | 0000.0 | | 50 |
| Jabau labau | 0,000.0 | | Wuskel-Skelett | |
| Jəpun Jəpun | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| 0.000.0 | 0.000.0 | 0000.0 | | |
| Jaban Jaban | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 8116.88 7250.0 | 0.0412 | 1100.0 | - | 51 |
| nudef undef | 0000.0 | | Hepatisch | |
| Japun Japun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| 0000.0 leban | 0000.0 | | Наематороетізсь | |
| labau labau | 0000.0 | | Серти | |
| 19bnu 0000.0 | £600.0 | | Gastrointestinal | 01 |
| lebru lebru | 0000.0 | | Endokrines Gewebe | |
| lebau lebau | 0000.0 | | Epdokring Couch | |
| lebau lebau | 0000.0 | | mrabnnaud Vootszoid | |
| labau labau | 0000.0 | | | |
| 0000.0 lebau | | 0.000 0.0156 | | ς |
| | 0.0000 | _ | 22619 | , |
| Verhaeltnisse N/m m/w | ************************************** | *Haenfickeit | | |
| and twat [acd a b] | aomin | NOPMAT | | |
| | | | | |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---------------------------------------|----------------|------------------|-----------------------------|-----|
| Place | WHaeutigkeit | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0000 | 0.0000 0.0000 | undef 0.0000 undef undef | 5 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| Gehirn | | 0.0000 | undef undef | i U |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef undef undef | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Prostata | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | | | undef undef | |
| Uterus_Myometrium Uterus allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | | | | 50 |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 25 |
| Entwicklung | | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | Q.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| _ | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| Niere Placenta | | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | _ 1111 | | | |
| | 0.000 | | | |
| | MODMITTON / CO | mp | | 50 |
| | NORMIERTE/SUB | TKAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 30 |
| Brust | %Haeufigkeit | | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock t | | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | 55 |
| Foetal | | | | 33 |
| Gastrointestinal. | | - | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | | | | |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |
| | | | | |

```
Uterus_n 0.0083.
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0205
                                 Nerven 0.0010
                                 Lunge 0.0082
                                 rroo.o naboH
                                                                  09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0122
                                 Foetal 0.0012
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                  ςς
                                 Eierstock_t 0.0000
                                 Eierstock n 0.0000
                                 Brust 0.0136
                           *Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  Oς
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                  St
                                 Niere 0.0000
                                 Mebenniere 0.0000
                                 Lunge 0.0108
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0036
                                 Hepatisch 0.0000
                                 Maut 0.0000
                                                                  01
                                 Maematopoetisch 0.0000
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0028
                                 Entwicklung 0.0000
                           %Haeufigkeit
                                                                  Sε
                                 EOETUS
                                 Servix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0017
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Samenblase 0.1246
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0119
                                 Brust-Hyperplasie 0.0288
undef undef
undef 0.0000
                   .000010
                                 Uterus_allgemein 0.0255
                                                                  57
                    0.000
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
 Jabnu labnu
                    0000.0
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
1.3648 0.7327
                    ₹900.0
                                 Prostata 0.0087
undef 0.0000
                    0000.0
                                 Penis 0.0150
0.2137 4.6800
                    7850.0
                                 Pankreas 0.0083
                                                                  50
0.2478 4.0351
                    8,20.0
                                 Miere 0.0136
2.8555 0.3502
                    0900.0
                                 Muskel-Skelett 0.0171
                                 Magen-Speiseroehre 0.0097
0000.0 lebnu
                    0.000
2.0321 0.4921
                    0.0041
                                 Lunge 0.0083
 Jabau labau
                    0.000
                                 Moden 0.0000
                                                                  ςı
2.6213 0.3815
                                 Herz 0.0360
                    TEIO.0
2.9412 0.3400
                                 Hepatisch 0.0190
                    2900.0
undef 0.0000
                                 Haut 0.0147
                    0.000
0000.0 lebru
                    0.000
                                 Haematopoetisch 0.0053
2.6099 0.3832
                                 Gehirn 0.0214
                    2800.0
                                                                 01
7.2089 0.4527
                    0.0139
                                 Gastrointestinal 0.0307
77359 0.267.E
                    0.0050
                                 Endokrines_Gewebe 0.0187
1.9188 0.5212
                    8700.0
                                 Eierstock 0.0150
0000.0 lebm
                    0000.0
                                 Duenndarm 0.0215
2.4953 0.4008
                    9500.0
                                 Brust 0.0141
                                                                 ς
6.1018 0.1639
                    0.0102
                                 Blase 0.0624
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   N/T
Verhaeltnisse
                    ROMUT
                                 JAMAON
```

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

| | NORMAL | TUMOR | Verhae | eltnisse | |
|--------------------------------------|---------------|---------------|----------------|----------|----|
| | | %Haeufigkeit | | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | | 0.0000 | , |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 5 |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef | undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | | undef . | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | | 0.0000 | undef | | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Prostata | | 0.0000 | undef undef | | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus allgemein | | | undef | | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | 33 |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | | | | | 70 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| - | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | | | | | |
| Prostata Sinnesorgane | | | | | |
| Simesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | TRAHIERTE BIB | LIOTHER | KEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | | | | | |
| Eierstock t | | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | | | | | 33 |
| Foetal Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| Hoden | | - | | | 60 |
| Lunge | | | | | 00 |
| Nerven | | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | | | | | 65 |
| _ | | | | | 03 |

DE 188 18 950 V I

| | | | 0000.0 | Uterus_n | 59 |
|---------------|---------------|--------------|---------------|-------------------------------|-----|
| | | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | _ | |
| | | | | | |
| | | | 0000.0 | TOWARY SERVI | 09 |
| | | | 0000 0 | Haut-Muskel | |
| | | | 0000.0 | Наетатороетіясь | |
| | | | | Gastrointestinal | |
| | | | | Foetal | |
| | | | 0000.0 | Endokrines Gewebe | SS |
| | | | 0000.0 | Eierstock_t | |
| | | | | Eierstock_n | |
| | | | 0000.0 | Brust | |
| | | : | %Haeufigkeit | | |
| EKEN | BLIOTH | BTRAHIERTE B | NORMIERTE/SU | | 05 |
| | | | | | 03 |
| | | | | | |
| | | | | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | Placenta | St |
| | | | 0000.0 | | ٠. |
| | | | | Mebenniere | |
| | | | 0.000 | Funde | |
| | | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | | Hepatisch | |
| | | | 0.000 | Haut | 0⊅ |
| | | | | Haematopoetisch | |
| | | | | Gehirn | |
| | | • | | Gastrointenstinal | |
| | | | 0000.0 | Entwicklung | |
| | | | &Haeufigkeit | | 32 |
| | | | EOELUS | | |
| | | | | | |
| | | | 0000:0 | xiv192 | |
| | | | 0000 0 | Weisse_Blutkoerperchen | |
| | | | 0000 0 | and to control of the control | 30 |
| | | | 00000 | Santanomac | |
| | | | 00000 | Samenblasse | |
| | | | 0000-0 | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | 0000.0 | Brust-Hyperplasie | |
| lebm | labmu | 0000.0 | 0000.0 | Uterus allgemein | 57 |
| Jəbnu | labmu | 0000.0 | 0000.0 | Uterus_Myometrium | |
| labnu | labnu | 0000.0 | | Uterus_Endometrium | |
| lebau | lebau | 0000.0 | | Prostata | |
| labau | labnu | 0000.0 | 0000.0 | | |
| Jabnu | Jabnu | 0000.0 | | Pankreas | 50 |
| j əpun | lebnu | 0000.0 | 0000.0 | | |
| labau | Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | Wuskel-Skelett | |
| Jəpun | jəpun | 0000.0 | 0000.0 | Magen-Speiseroehre | |
| Japun | Jəpun | 0000.0 | . 0000*0 | Pnnge | |
| Jəpun | Jəpun | 0000.0 | | нарон | C1 |
| 0000.0 | Japun | 0000.0 | 1100.0 | | \$1 |
| Jabru | Japun | 0000.0 | 0000.0 | → | |
| 0000.0 | Jebnu | 0000.0 | 7500.0 | | |
| Jabau | Japan | 0000.0 | 0000.0 | 7 | |
| Jebau | Jebau | 0000.0 | 0000.0 | | |
| | | 0000.0 | 0000.0 | | 01 |
| lebau | Japun | | 7100.0 | _ ` _ ` _ ` | |
| 0.000 | Jəpun | 0000.0 | | • - • • | |
| Japun | undef | 0000.0 | . 0000*0 | | |
| Jaban | Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | | |
| lebnu | Jebnu | 0000.0 | 0000.0 | | ς |
| 0000.0 | Japun | 0000.0 | 0650.0 | | - |
| N/T | | %Haeufigkeit | | | |
| ltnisse | Nerpse | AOMUT | LAMAON | l | |

| | 0.0273 0.0013 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0000 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N 10.6781 0.0936 undef 0.0000 undef 0.0000 | 5 |
|--|--------------------------------------|---|---|----|
| Haematopoetisch | 0.0017 0.0000 0.0229 | 0.0000 0.0025 0.0000 0.0031 0.0000 | undef undef 0.6792 1.4722 undef undef 7.4396 0.1344 undef 0.0000 undef undef | 10 |
| Hepatisch Herz Hoden | 0.0000 0.0011 0.0000 0.0052 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef | 15 |
| Muskel-Skelett Niere Pankreas | 0.0017 0.0000 0.0050 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0021 | undef 0.0000 undef undef undef 0.0000 undef undef 2.0473 0.4885 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata | 0.0000 0.0061 0.0000 | | | 45 |
| Sinnesorgane | NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit | BTRAHIERTE BIE | LIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | 0.0253 0.0000 0.0006 | | | 55 |
| Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 60 |
| Nerven Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0068 0.0310 | | | 65 |

| | | | 0000.0 | Uterus_n | 59 |
|---------|---------|---------------|----------------------|------------------------|----|
| | | | . 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | | | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | 0000.0 | | 09 |
| | | | 0000.0 | Haut-Muskel | |
| | | | 0000.0 | Наематороетіsch | |
| | | | 0.000 | Gastrointestinal | |
| | | | 0000.0 | Foetal | |
| | | | | Endokrines Gewebe | SS |
| | | | | Eierstock | 33 |
| | | | | Eierstock n | |
| | | | | | |
| | | | 0000.0 | terra | |
| | | | & Haeufigkeit | | |
| EKEN | HTOIJE: | BTRAHIERTE BI | NORMIERTE/SU | | 90 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | Sinnesorgane | |
| | | | | Prostata | |
| | | | 0000.0 | Placenta | SÞ |
| | | | 0000.0 | | SV |
| | | | | Иерепліете | |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | | | |
| | | | | Hepatisch | 0₺ |
| | | | 0000.0 | | |
| | | | | Haematopoetisch | |
| | | | | Gehirn | |
| | | | | Gastrointenstinal | |
| | | | 0000.0 | Entwicklung | |
| | | | <i></i> gyaeufigkeit | | 32 |
| | | | EOELOS | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | Zerix | |
| | | | . 0000*0 | Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| | | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | | | Samenblase | |
| | | | 0000.0 | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | 0000.0 | Brust-Hyperplasie | |
| | | | 0000.0 | Uterus allgemein | 52 |
| | labau | | 0000 0 | Uterus Myometrium | 30 |
| nuqeį | | 0000.0 | 0000 0 | mitiatemonia_anacati | |
| lebnu | | 0000.0 | | Uterus_Endometrium | |
| labnu | labnu | 0000.0 | 0000.0 | Prostata | |
| labnu | labnu | 0000.0 | 0000.0 | Penis | |
| gepun | Jəbm | 0000.0 | 0000.0 | Sankreas | 70 |
| nuqeį | jəpun | 0000.0 | 000010 | Иіете | |
| | Jəpun | 0000.0 | 0000.0 | Wuskel-Skelett | |
| Jəpun | | 0000.0 | 0000.0 | Wagen-Speiseroehre | |
| Jabau | | 0000.0 | | Глиде | |
| | | | | норон | |
| | Jəpun | 0000.0 | | | 51 |
| lebnu | | 0000.0 | 0000.0 | 220H | |
| | lebnu | 0000.0 | | Hepatisch | |
| laban | lebau | 0000.0 | 0000.0 | Jush | |
| labmu | labmu | 0000.0 | | Haematopoetisch | |
| lebmu | Jəpun | 0000.0 | | Gehirn | 01 |
| | | 0000.0 | 0000-0 | Gastrointestinal | 01 |
| jəpun | Japun | .0000.0 | 0000.0 | Endokrines Gewebe | |
| labnu | | 0000-0 | | Eierstock | |
| | | 0000.0 | | Duenndarm | |
| | - | | | Brust | |
| Jabau | | 0000.0 | | | S |
| 0.000 | mget | 0000.0 | | Blase | |
| N/T | | %Haeufigkeit | | | |
| ltnisse | Леграе | AOMUT | JAMAON | I | |
| | | | | | |

| | MODMAT | milwop | Wa wha a | ltni aas | |
|---|------------------------|-----------------------|----------------|-----------------|----|
| | NORMAL %Haeufickeit | TUMOR %Haeufigkeit | | eltnisse T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | , |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef | | |
| Endokrines_Gewebe Gastrointestinal | | 0.0000 | undef undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | under | | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | | 0.0000 | undef | | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef | | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | undef | 23 |
| Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | DODENIA | | | | |
| | FOETUS | | | | 35 |
| Entwicklung | %Haeufigkeit | | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| <u>-</u> | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | | | | | 45 |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NODWIEDER / CIII | STRAHIERTE BII | T TOME | PERM | 50 |
| | %Haeufigkeit | SIKAMIEKIE DII | PLIOIUE | KEN | |
| Rrnet | 0.0000 | | | | |
| Eierstock n | | | | | |
| Eierstock t | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | | 55 |
| | 0.0000 . | | | | |
| Gastrointestinal | | • | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | - |
| | 0.0000 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |
| | | | | | |

| | | 0000.0 0000.0 2100.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 59 09 SS |
|---|--|--|---|----------------|
| PLIOTHEKEN | HERTE BIE | NORMIERTE/SUE | | 90 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Herz-Blutgefaesse Lunge Heparisch | St Ot |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Brust-Hyperplasie Samenblasse Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| 19bnu 19bnu 0000.0 19bnu 0000.0 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_Allgemein | 72 |
| 19bnu 19bnu 1880.1 0802.0 19bnu 19bnu 19bnu 0000.0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 1200.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Muskel-Skelett Magen-Speiseroehre Lunge | 50 |
| 19bnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0100.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 7100.0 9100.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch | 01 |
| Verhaeltnisse N/T T/N 5.3391 0.1873 Jebnu lebnu | TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0000 | ИОRMAL 8НаечҐіgkeit 0.0273 0.0000 | | Ş |

| Brust Duenņdarm | 0.0156 0.0000 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T undef undef undef | undef | 5 |
|--|--------------------------------------|--|---|-----------------------------------|----|
| Haematopoetisch | 0.0000 0.0038 0.0000 | 0.0026 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 undef undef undef undef undef | undef 0.0000 undef undef | 10 |
| Hoden | 0.0011 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | 0.0000 undef undef | 15 |
| Pankreas | 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0055 0.0000 0.0000 | undef undef 0.0000 undef undef | undef undef undef | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef | undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | | 35 |
| Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHE: | Ken | 50 |
| Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewèbe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | • | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 0.0000 | | | | 65 |

| TIOLHEKEN | вів зтязінаят: | #Haeufigkeit 0.0068 0.0051 0.0051 0.0052 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | \$9 \$9 \$5 \$5 |
|--|--|--|---|--------------------------|
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | Str Ot |
| | | | Ептитскі | SE |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 6000.0 | Brust-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 30 |
| 19bnu 19bnu 1.9538 1.9538 19bnu 19bnu 19bnu 19bnu | 0000.0 0.000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein | 52 |
| 1.0161 0.9842 mndef undef undef undef undef undef | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0.0021 0.0000 0.0000 0.0000 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | 50 |
| labnu | 0000°0 0000°0 0000°0 | 0000.0 | hseitooqotsmash tush tostitoqah stash | ŞÌ |
| undef n. 00000 and of one of o | 0000-0 | 0000.0 0500.0 0000.0 | mrabndand Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn | 01 |
| Verhaeltnisse N/T T/N 0000.0 labau labau labau | TUMOR 8Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | NORMAL 8Haeufigkeit 0.0156 0.0000 | | S |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|--------------------------------------|---------------|----------------|----------------------------|----|
| | | %Haeufigkeit | | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 5 |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | undef undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 16 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | | 0.0000 | undef undef | 20 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 20 |
| Prostata | | | undef undef | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef undef undef undef | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_allgemein | | | under under | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | 0.000 | ander under | 23 |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| | 0.0000 | • | • | 50 |
| | | | | |
| | DOBMITO. | | | |
| | FOETUS | | | |
| Entwicklung | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUB | PRAHTERTE RIBI | TOTUEREN | 50 |
| | %Haeufigkeit | nitokita DTDI | | |
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock n | 0.0000 | | | |
| Eierstock t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| Hoden | | | | 60 |
| Lunge | | | | |
| Nerven | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | • | | 65 |
| | | | | |

```
Uterus_n 0.0000
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Nerven 0.0010
                                0000.0 spnul
                                0000.0 naboH
                                                                09
                                Haut-Muskel 0.0000
                                Haematopoetisch 0.0000
                                Gastrointestinal 0.0000
                                Foetal 0.0006
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                ςς
                                Eierstock t 0.0000
                                Eierstock_n 0.0000
                                Brust 0.0000
                          %Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                ٥٥
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Placenta 0.0000
                                Miere 0.0000
                                Mebenniere 0.0000
                                10000.0 apmul
                                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                Hepatisch 0.0000
                                                                 0⊅
                                Maut 0.0000
                                Haematopoetisch 0.0000
                                Gehirn 0.0000
                                Gastrointenstinal 0.0000
                                Entwicklung 0.0000
                          %Haeufigkeit
                                                                 Sε
                                EOELUS
                                Zervix 0.0000
                                Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Samenblase 0.0000
                                Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                Brust-Hyperplasie 0.0000
                                Uterus_allgemein 0.0000
lebnu lebnu
lebnu lebnu
                   0000.0
                                                                 57
                                Uterus_Myometrium 0.0000
                   0000.0
 undef undef
                   0000.0
                                Uterus Endometrium 0.0000
                                Prostata 0.0000
 mdef undef
                   0000.0
                                Penis 0.0000
 lebnu lebnu
                   0000.0
                                Pankreas 0.0000
 undef undef
                   0.000
                                                                 70
 nudef undef
                   0.000.0
                                Niere 0.0000
 Jabnu labnu
                   0000.0
                                Muskel-Skelett 0.0000
                                Magen-Speiseroehre 0.0000
                   0.000
 Jabnu labnu
                                Lunge 0.0000
 Jebnu lebnu
                    0.000
                   0.000
 undef undef
                                0000.0 naboH
                                                                 51
                                0000.0 SI9H
 undef undef
                    0.000
                                Hepatisch 0.0000
0.000 undef
                    2900.0
                   0.000
                                Maut 0.0000
 undef undef
                                 Haematopoetisch 0.000
 nudef undef
                    0000.0
                                 Gehirn 0.0015
                    0.0010
S$69.0 66E$.I
                                                                 01
                                 Gastrointestinal 0.0000
                    0.000
 lebru lebru
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                    0000.0
 mdef undef
                                 Eierstock 0.0000
                    0000.0
 undef undef
                    0000.0
                                 Duenndarm 0.0000
 lebnu lebnu
 lebru lebru
                    0000.0
                                 0000.0 Jeura
                                 Blase 0.0312
                    0000.0
0000.0 lebnu
          *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   N/T
Nerhaeltnisse
                     TUMOR
                                 JAMRON
```

| | NORMAL | TUMOR | Verhae | eltnisse | |
|---|---------------|---------------|---------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| | 0.0156 | 0.0000 | | 0.0000 | 5 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef | | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | undef | | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef | | 10 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef | | |
| | 0.0000 | 0.0000 | under | undef . | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef | | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef | | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef | | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef | undef | 23 |
| Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | | 30 |
| | 0.0000 | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | | | | | |
| Gastrointenstinal | | • | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | | | | • | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | 43 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUE | TRAHTERTE BIR | T.TOTHE | KEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | - | |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | | | | | |
| Eierstock_t | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | | 55 |
| Foetal | | | | | |
| Gastrointestinal | | • | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | 60 |
| | 0.0000 | | | | 60 |
| Nerven | | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus n | | | | | 65 |
| | | | | | 55 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

| | | 0000.0 | Orezna_n | 59 |
|------------------|-----------------|------------------|------------------------|-----|
| | | | Sinnesorgane | |
| | | 8900.0 | Prostata | |
| | | 0.0020 | Иегуел | |
| | | 0000.0 | Punge | |
| | | 0.000.0 | пэрон | 09 |
| | | | Haut-Muskel | |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointestinal | |
| | | | Foetal | |
| | | | Endokrines_Gewebe | SS |
| | | | Eierstock | |
| | | | Eierstock_n | |
| | | 0.0340 | taura | |
| ייד און ער ערייא | зтва втязінаяте | *Haeufigkeit | | |
| LIONINEVEN | ara amaarukan | MODMIED TE VOITE | | 05 |
| | | | | |
| | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | 0.000 | Prostata | |
| | | S≱20.0 | Placenta | |
| | | 0.000.0 | | SÞ |
| | | | Nebenniere | |
| | | 2700.0 | Prunge | |
| | | 9£00.0 | Herz-Blutgefaesse | |
| | | 0000.0 | Hepatisch | |
| | | 0.000 | Haut | 01 |
| | | 6700.0 | Наематороетізср | |
| | | 0000.0 | Gehirn | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | 0000.0 | Entwicklung | |
| | | %Haeufigkeit | | 32 |
| | | FOETUS | | |
| | | | | |
| | | 000010 | VIA 700 | |
| | | | Zervien Zervien | |
| | | | Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Samenblase agences | |
| | | | Prostata-Hyperplasie | |
| | | | Brust-Hyperplasie | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Uterus_allgemein | |
| lebnu lebnu | 0000.0 | | Uterus_Myometrium | 52 |
| Jabau Jabau | 0000.0 | | Uterus Endometrium | |
| 6976.0 3ESO.1 | 8210.0 | | Prostata | |
| 7124.4 3452.0 | 7.920.0 | 0900.0 | | |
| 0.4487 2.2286 | 0110.0 | | Leankreas | 0.7 |
| 0.1322 7.5658 | 5020.0 | 7200.0 | | 50 |
| 74283 2.3347 | 0.0120 | | Wuskel-Skelett | |
| Jaban Jaban | 0000.0 | | Magen-Speiseroehre | |
| 1.9051 0.5249 | 2800.0 | 9210.0 | | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 8200.0 | | ٠. |
| 0.9252 1.0809 | 7510.0 | 7210.0 | | \$1 |
| 1.0294 0.9714 | 6.0323 | | нерасізсь | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 0.0330 | | |
| 0000.0 lebnu | .0000 | | Haematopoetisch | |
| 0.2025 4.9386 | 0.0329 | | Gehirn | |
| 0000.0 lebmu | 0000.0 | LL00.0 | Gastrointestinal | 01 |
| 7£24.2 2704.0 | 0.0125 | 1200.0 | Endokrines Gewebe | |
| 0000.0 lebmu | 0000.0 | 0.0030 | Eierstock | |
| 0000.0 lebru | 0000.0 | 1500.0 | Duenndarm | |
| 1201.1 pr0e.0 | 0.0113 | 0.0102 | | |
| 6.1018 0.1639 | 1200.0 | 0.0312 | | ς |
| N/I I/N | &Haeufigkeit | &Haeufigkeit | | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | JAMAON | | |
| | | | | |

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn | 0.0234 0.0166 0.0000 0.0270 0.0238 0.0115 0.0089 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0226 0.0165 0.0000 0.0276 0.0093 0.0072 | undef 0.0000 0.7372 1.3564 0.0000 undef undef 0.0000 0.8645 1.1567 1.2425 0.8048 1.2342 0.8102 | | 5 |
|--|--|---|--|----|----|
| Hepatisch Herz Hoden | 0.0220 0.0143 0.0148 0.0230 0.0218 | 0.0000 0.0000 0.0518 0.0000 0.0117 0.0266 0.0000 | undef 0.0000 undef 0.0000 0.2757 3.6266 undef 0.0000 1.9679 0.5082 0.8207 1.2185 undef undef | 1. | 15 |
| Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis Prostata Uterus_Endometrium | 0.0120 0.0081 0.0149 0.0180 0.0240 0.0068 | 0.0120 0.0137 0.0221 0.0000 0.0213 0.0000 | 0.9994 1.0006 0.5948 1.6813 0.6731 1.4857 undef 0.0000 1.1260 0.8881 undef 0.0000 | 21 | 0 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0204 0.0224 0.0208 | 0.0340 0.0000 | 0.6734 1.4851 undef 0.0000 | 2: | 5 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 0.0235 | | | 30 | 0 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | 0.0167 | | | 35 | 5 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 40 |) |
| Nebenniere | 0.0000 0.0061 0.0000 | | | 45 | 5 |
| | NORMIERTE/SUBT %Haeufigkeit 0.0000 | FRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |) |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0245 0.0099 0.0000 | | | 55 | ; |
| Lunge Nerven | 0.0065 0.0154 0.0000 0.0020 | | | 60 | ı |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | 65 | |

| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 69 09 |
|---|---|--|---|------------------------|
| | | %Haeufigkeit | | |
| BLIOTHEKEN | BTRAHIERTE BI | NORMIERTE/SU | | 05 |
| | | 0,0008 0,0008 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 0,0000 | Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Mebenniere | \$\$ 0 0 |
| | | 0000.0 0000.0 2600.0 | Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| 0.5118 1.9538 undef undef 5.6113 0.1782 undef undef | 6400.0 0000.0 8900.0 0000.0 | 0.000 0.0381 0.0000 0.0000 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 57 |
| 0.8974 1.1143 0000.0 labru | 8200.0 0000.0 | 0.0030 | Pankreas Penis | 07 |
| Dance Dance | 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | £700.0 0000.0 2£00.0 8£00.0 2£00.0 0000.0 7£00.0 | Haut Hers Hoden Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speisett Magen-Speiser | 51 |
| Verhaeltnisse N/T T/N 7.6272 0.1311 0.5444 1.8368 0.5561 1.7982 0.0000 undef 0.7925 1.2619 undef 0.0000 0.2880 3.4724 undef 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0094 0.0165 0.0150 0.0103 0.0103 | 2610.0 1200.0 2600.0 0000.0 6110.0 6100.0 | | 01 S |

| | 0.0351 0.0026 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0094 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N 13.7290 0.0728 0.2722 3.6736 undef 0.0000 | 5 |
|--|--|---|---|----|
| Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0037 | 0.0026 0.0075 0.0093 0.0051 0.0000 | 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.7200 1.3890 undef 0.0000 undef 0.0000 | 10 |
| Hepatisch Herz Hoden | 0.0190 0.0064 0.0058 0.0021 | 0.0129 0.0000 0.0117 0.0061 0.0077 | 1.4706 0.6800 undef 0.0000 0.4920 2.0326 0.3387 2.9526 0.0000 undef | 15 |
| Muskel-Skelett Niere Pankreas | 0.0000 0.0081 0.0050 0.0060 | 0.0060 0.0068 0.0166 0.0000 0.0106 | 0.0000 undef 1.1896 0.8406 0.2991 3.3428 undef 0.0000 0.4095 2.4423 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0068 0.0000 | undef undef 0.0000 undef undef undef | 25 |
| Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 0.0000 | · | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | 35 |
| Gehirn Haematopoetisch | 0.0063 0.0079 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Lunge Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0062 0.0000 | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0251 | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0116 | | • | 55 |
| Lunge | 0.0000 0.0194 0.0000 0.0082 | | | 60 |
| Nerven Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 0.0155 | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0167
                                                                   59
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                  Prostata 0.0000
                                  Merven 0.0141
                                  Lunge 0.0328
                                  Moden 0.0000
                                                                   09
                                  Haut-Muskel 0.0324
                                  Haematopoetisch 0.0000
                                  Gastrointestinal 0.0000
                                  Foetal 0.0099
                                  Endokrines Gewebe 0.0000
                                                                   Sς
                                  Eierstock t 0.0051
                                  Eierstock n 0.0000
                                  Brust 0.0000
                           &Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                   05
                                  Sinnesorgane 0.0251
                                  Prostata 0.0000
                                  Placenta 0.0061
                                                                   54
                                  Niere 0.0062
                                  Webenniere 0.0000
                                  Lunge 0.0072
                                  Herz-Blutgefaesse 0.0071
                                  Hepatisch 0.0000
                                                                   04
                                  Maut 0.0000
                                  Maematopoetisch 0.0000
                                  Gehirn 0.0000
                                 Entwicklung 0.0139 Gastrointenstinal 0.0083
                           %Haeufigkeit
                                                                   32
                                  FOETUS
                                  Zervix 0.0000
                                  Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                  Samenblase 0.0089
                                  Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                  Brust-Hyperplasie 0.0000
nudef undef
                                 Uterus_allgemein 0.0000
                    0000.0
                                                                   52
                                 Uterus_Myometrium 0.0076
1287.1 1192.0
                    9EI0.0
                    8220.0
0.2561 3.9053
                                 Uterus Endometrium 0.0135
0.3412 2.9308
                    ₱900.0
                                  Prostata 0.0022
0000.0 lebru
                    0.000
                                  Penis 0.0180
E$11.1 $798.0
                    5500.0
                                 Pankreas 0.0050
                                                                   70
0000.0 lebm
                    0000.0
                                 Niere 0.0054
                                  Muskel-Skelett 0.0017
undef 0.0000
                    0.000.0
 nudef undef
                    0000.0
                                  Magen-Speiseroehre 0.0000
7.5402 0.393.Z
                    0.0020
                                  Lunge 0.0052
                                 0000.0 neboH
labnu labnu
                    0000.0
                                                                   S١
                                 Herz 0.0011
0000.0 lebmu
                    0.000.0
0000.0 labm
                    0.000
                                  Hepatisch 0.0095
 lebru lebru
                    0.000.0
                                  Maut 0.0000
0000.0 lebru
                    0.000
                                  Haematopoetisch 0.0013
8875.0 6653.5
                    0.0031
                                  Gehirn 0.0081
                                                                   01
9186'T LLTS'0
                    0.0185
                                 Gastrointestinal 0.0096
1241.1 6678.0
                    9LT0.0
                                  Endokrines Gewebe 0.0153
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                  Eierstock 0.0000
 undef undef
                    0000.0
                                  Duenndarm 0.0000
0.9527 T.0496
                    ₽600°0
                                  Brust 0.0090
                                                                   ς
0000.0 lebmu
                    0.000
                                  Blase 0.0195
          *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   I \setminus I
Verhaeltnisse
                     ROMUT
                                 NORMAL
```

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---------------------------------------|----------------------------|------------------|--------------------------------|-----|
| 73 | | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0195 0.0064 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| Duenndarm | | 0.0038 0.0000 | 1.7013 0.5878 undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0156 | 0.1919 5.2117 | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0251 | 0.5434 1.8403 | |
| Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0139 | 0.9664 1.0348 | |
| | 0.0074 | 0.0277 | 0.2667 3.7502 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0065 | 0.7353 1.3600 | |
| | 0.0127 0.0115 | 0.0412 | 0.3084 3.2426 | 15 |
| | 0.0104 | 0.0585 0.0204 | 0.1968 5.0816 | 13 |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0230 | 0.5080 1.9684 0.8404 1.1900 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0240 | 0.4997 2.0011 | |
| | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0331 | 0.2493 4.0114 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0277 | 0.8661 1.1545 | |
| Uterus_Endometrium | | 0.1055 | 0.0000 undef | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Prostata-Hyperplasie | | * | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | 50 |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | _ | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0111 | | | |
| Gehirn | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | -10 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0124 | | | |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | 0.0249 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NODMIEDTE / CITO | DOSTITEDED DID | T T CONTENTS | 50 |
| | NORMIERTE/SUBT | TWHITEKLE RIBI | LIOTHEKEN | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock t | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| Hoden Lunge | | | | 60 |
| | | | | |
| | | | | |
| | 0.0070 | | | |
| Prostata Sinnesorgane | 0.0070 0.0068 | | | |
| Prostata | 0.0070 0.0068 0.0000 | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0208
                                                                  59
                                 Sinnesorgane 0.0310
                                 Prostata 0.0000
                                 Nerven 0.0251
                                  Lunge 0.0164
                                 Moden 0.0000
                                                                  09
                                 Haut-Muskel 0.0389
                                 Haematopoetisch 0.0114
                                 Gastrointestinal 0.0000
                                 Foetal 0.0175
                                 Endokrines Gewebe 0.0245
                                                                  ςς
                                 Eierstock t 0.0051
                                 Eierstock_n 0.0000
                                 Baust 0.0068
                           *Haeuľigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  05
                                 Sinnesorgane 0.0251
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                 Niere 0.0062
                                 Nebenniere 0.0254
                                 Dunge 0.0000
                                 Merz-Blutgefaesse 0.0142
                                 Hepatisch 0.0000
                                 Maut 0.0000
                                                                  07
                                 Haematopoetisch 0.0039
                                 Gehirn 0.0188
                                 Gastrointenstinal 0.0083
                                 Entwicklung 0.0557
                           *Haeufigkeit
                                                                  32
                                 FOETUS
                                 Zervix 0.0106
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0061
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                 Brust-Hyperplasie 0.0032
7257.81 £E20.0
                    ₽960.0
                                 Uterus_allgemein 0.0051
                                                                  57
 0.000 undef
                    9810.0
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
                    0.0528
 19bm 0000.0
                                 Uterus Endometrium 0.0000
0.6824 I.4654
                    $900°0
                                 Prostata 0.0044
0000.0 lebnu
                    0.000
                                 Penis 0.0090
₱TL9°T £865°O
                    5500.0
                               Pankreas 0.0033
                                                                  70
0.1983 5.0439
                    7£10.0
                                 Niere 0.0027
                    0000.0
 lebnu lebnu
                                 Muskel-Skelett 0.0000
 undef undef
                    0.000
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
 1.5241 0.6561
                    1,00.0
                                 Lunge 0.0062
                    0000.0
                                 Hoden 0.0115
undef 0.0000
                                                                  51
                                 Herz 0.0032
 undef 0.0000
                    0.000
0000.0 lebmu
                    0.000.0
                                 Repatisch 0.0095
                    7≱80.0
 19bnu 0000.0
                                 Maut 0.0000
 0000.0 lebru
                    0.000.0
                                 Haematopoetisch 0.0027
3.7198 0.2688
                                 Gehirn 0.0229
                    0.0062
                                                                  01
                    0000.0
0000.0 lebru
                                 Gastrointestinal 0.0077
1.1887 0.8413
                    0.0100
                                 Endokrines_Gewebe 0.0119
2.3025 0.4343
                    9200.0
                                 Eierstock 0.0060
0000.0 lebnu
                    0000.0
                                 Duenndarm 0.0031
0.2268 4.4083
                    0.0113
                                 Brust 0.0026
                                                                  ς
0000.0 lebnu
                    0.000.0
                                 Blase 0.0156
          *Haeufigkeit *Haeufigkeit W/T
   N/T
Verhaeltnisse
                     TUMOR
```

| Brust Duennda <i>r</i> m | 0.0312 0.0166 0.0061 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0132 0.0000 | 12.2035 0.0819 1.2638 0.7912 undef 0.0000 | 5 |
|--|--|--|---|----|
| Haematopoetisch Haut | 0.0085 0.0115 0.0074 0.0120 0.0147 | 0.0026 0.0025 0.0231 0.0082 0.0379 0.0000 | 3.4538 0.2895 3.3962 0.2944 0.4970 2.0121 0.8999 1.1112 0.3176 3.1487 undef 0.0000 | 10 |
| Hoden | 0.0085 0.0058 0.0104 0.0193 | 0.0000 0.0275 0.0000 0.0061 0.0000 0.0180 | undef undef 0.3084 3.2426 undef 0.0000 1.6934 0.5905 undef 0.0000 0.2856 3.5020 | 15 |
| Niere Pankreas Penis Prostata Uterus_Endometrium | 0.0109 0.0017 0.0150 0.0022 0.0203 | 0.0274 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.3965 2.5219 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 | 20 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0255 0.0224 0.0059 0.0089 | 0.0000 | undef undef undef 0.0000 | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0113 0.0106 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | 0.0111 0.0000 | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge | 0.0000 0.0260 0.0107 0.0036 | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0247 0.0061 0.0000 | | | 45 |
| | NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0051 0.0000 0.0035 0.0000 | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0130 0.0000 0.0000 0.0040 | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus <u></u> n | 0.0000 | | | 65 |

| | | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Haut-Muskel | \$9 09 \$\$ |
|--|--|--|--|-------------------|
| BLIOTHEKEN | втвантеяте ві | NORMIERTE/SU | | 05 |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere | SÞ |
| | | 0.000 | Entwicklung Gastrointenstinal | SE |
| | | 0000.0 0000.0 1900.0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| 0000.0 ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu 0000.0 ləbnu ləbnu | 0000°0 0000°0 0000°0 | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 2000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Uterus_allgemein | 57 |
| 1 bnur labru 0000.0 labru 1 shur 0000.0 labru 0000.0 labru 0000.0 labru 1 shur 0000.0 labru 1 shur 1 | | 0000.0 4600.0 7200.0 | Magen-Speiseroehre Niere Wiere Pankreas | 70 |
| undef undef undef undef 0.1542 6.4853 undef 0.0000 1.2701 0.7873 | 0000.0 0000.0 7E10.0 0000.0 1A00.0 | 0000.0 | Haut Hepatisch Herz Hoden | Şī |
| undef undef 1.1513 0.8686 0.0000 undef undef undef 0.5760 1.7362 0.5760 1.7362 | 0000°0 9700°0 9700°0 1500°0 | 0000.0 0000.0 0000.0 | Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gastrointestinal Haematopoetisch | 01 |
| 0.9074 1.1021 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0056 | 0.0051 0.0051 | Blase | Ş |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|--|---|-----------------------|--------------------------------|----|
| Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 0.1093 | 5 |
| | 0.0077 | 0.0094 | 0.8166 1.2245 | 3 |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock Endokrines Gewebe | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gastrointestinal | | 0.0050 0.0139 | 0.6792 1.4722 0.4142 2.4145 | |
| | 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 1.3890 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0129 | 0.3676 2.7200 | |
| | 0.0074 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0058 0.0052 | 0.0000 | undef 0.0000 2.5402 0.3937 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0020 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0137 | 0.5948 1.6813 | |
| Pankreas | | 0.0166 | 0.0000 undef | 20 |
| | 0.0150 | 0.0800 | 0.1872 5.3421 | |
| Prostata Uterus Endometrium | | 0.0085 | 1.2795 0.7815 | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 undef 0.0000 | |
| Uterus allgemein | | | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | a.a.c. 0.000 | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| Gehirn | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| - | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | 43 |
| | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| Prostata Sinnesorgane Brust | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 50 |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 0.0130 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 0.0130 0.0154 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 0.0130 0.0154 0.0082 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 0.0130 0.0154 0.0082 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 0.0130 0.0154 0.0082 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |
| Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit 0.0408 0.1595 0.0101 0.0000 0.0029 0.0122 0.0000 0.0130 0.0154 0.0082 0.0000 0.0000 | TRAHIERTE BIB | LIOTHEKEN | 55 |

```
Uterus_n 0.0083
                                                                 59
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0137
                                Иетуеп 0.0030
                                Lunge 0.0000
                                Moden 0.0000
                                                                 09
                                Haut-Muskel 0.0000
                                Haematopoetisch 0.0000
                                Gastrointestinal 0.0000
                                Foetal 0.0070
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                 ςς
                                Eierstock_t 0.0000
                                Eierstock_n 0.0000
                                Brust 0.0204
                          &Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                 20
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Placenta 0.0000
                                                                 SÞ
                                Niere 0.0000
                                Nebenniere 0.0000
                                0000.0 aprud
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                 Mepatisch 0.0260
                                                                 07
                                Haut 0.0000
                                Haematopoetisch 0.0039
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0000
                                 Entwicklung 0.0000
                          $Haeufigkeit
                                 EOELUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                                                                 30
                                 Sinnesorgane 0.000
                                 Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0030
                                 Brust-Hyperplasie 0.0000
                                 Uterus_allgemein 0.0102
                   0.000.0
undef 0.0000
                                                                 52
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
undef undef
                    0000.0
                   0000.0
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
3.0709 0.3256
                   1200.0
                                 Prostata 0.0065
                    0000.0
                                 Penis 0.0030
0000.0 lebru
                                 Pankreas 0.0017
                    0000.0
0000.0 lebnu
nudef undef
                                 Miere 0.0000
                    0.000
                                 Muskel-Skelett 0.0000
 Jəpun Jəpun
                    0000.0
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
                    0.000
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                 Lunge 0.0000
jəpun jəpun
                                 0000.0 naboH
Jabau Jabau
                    0000.0
                                                                  51
                    0000.0
                                 Herz 0.0021
0000.0 lebmu
 lebnu lebnu
                                 Hepatisch 0.0000
                    0000.0
                                 Haut 0.0073
labru labru
0000.0 labru
                    0000.0
                                 Maematopoetisch 0.0000
                    0000.0
3769.0 66E1.I
                    0.0010
                                 Gehirn 0.0015
                                                                  01
                                 Gastrointestinal 0.0000
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                    0.0025
 0.000 undef
                                 Eierstock 0.0000
 undef undef
                    0000.0
                                 Duenndarm 0.0000
 Jəpun Jəpun
                    0000.0
                                 Brust 0.0026
                    0000.0
0000.0 labau
                    0000.0
                                 Blase 0.0156
0000.0 lebnu
          *Haeufigkeit *Haeufigkeit W/T
   N/T
Verhaeltnisse
                     AOMUT
                                 NORMAL
```

| | 0.0156 0.0000 0.0000 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T | undef undef | 5 |
|--|--|---|---|-----------------------------------|----|
| Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch | 0.0019 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | 0.0000 undef undef undef | 10 |
| Herz Hoden | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 15 |
| Pankreas | 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef | 20 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 | undef undef | | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 | , | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | • | | 45 |
| | %Haeufigkeit 0.0000 | BTRAHIERTE BI | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | | | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0208
                                                                 59
                                Sinnesorgane 0.0077
                                Prostata 0.0000
                                Nerven 0.0151
                                Lunge 0.0000
                                #c10.0 naboH
                                                                 09
                                Haut-Muskel 0.0324
                                Haematopoetisch 0.0057
                                Gastrointestinal 0.0122
                                Foetal 0.0192
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                 ςς
                                 Eierstock_t 0.0253
                                Eierstock n 0.1595
                                 Brust 0.0204
                          &Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                 05
                                 Sinnesorgane 0.0251
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.1030
                                                                 SÞ
                                 Niere 0.0185
                                 Webenniere 0.0000
                                 0000.0 apmul
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0036
                                 Hepatisch 0.0260
                                                                 0₺
                                 Haut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0039
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0056
                                 Entwicklung 0.0000
                           £Haeufigkeit
                                                                 Sε
                                 EOETUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0043
                                 Sinnesorgane 0.0353
                                 Samenblase 0.0089
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0149
                                 Brust-Hyperplasie 0.0096
                                 Uterus_allgemein 0.0153
                    0000.0
0000.0 lebnu
                                                                 57
                                 Uterus_Myometrium 0.0152
                    9610.0
1.1223 0.8911
undef 0.0000
                    0.000.0
                                 Uterus Endometrium 0.0203
                                 Prostata 0.0087
0000.0 lebmu
                    0.000
                                 Penis 0.0180
                 . 0000
0000.0 lebru
                                 Pankreas 0.0050
0.4487 2.2286
                    0.0110
                                                                 70
                                 Niere 0.0190
1.3878 0.7206
                    TEIO.0
                  0000.0
                                 Muskel-skelett 0.0206
0000.0 lebnu
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
 19bnu 0000.0
                    LL0010
                                 Lunge 0.0145
                    0.0102
1.4225 0.7030
                    0.000
undef 0.0000
                                 8200.0 neboH
                                                                 51
0.5011 1.9955
                                 Herr 0.0138
                    0.0275
                                 Hepatisch 0.0000
 mdef undef
                    0000.0
                                 Taut 0.0257
                    0000.0
0000.0 lebru
                              Haematopoetisch 0.0040
                    8570.0
0.0529 18.8919
                                 Gehirn 0.0126
$086.0 6610.1
                    0.0123
                                                                  01
                                 Gastrointestinal 0.0172
                    9₹00.0
3,7275 0,2683
                                 Endokrines_Gewebe 0.0085
                    9LT0.0
 0.4852 2.0611
                                 Eierstock 0.0180
 1.7269 0.5791
                    $010.0
                                 Duenndarm 0.0092
 0000.0 lebnu
                    0000.0
                    9500.0
1.8147 0.5510
                                 Brust 0.0102
 6.1018 0.1639
                    1200.0
                                 Blase 0.0312
          *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
   N/L
Verhaeltnisse
                     ROMUT
                                 NORMAL
```

| | | m | ** | |
|------------------------|------------------|------------------|-------------------------|----|
| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
| Place | | %Haeufigkeit | N/T T/N undef 0.0000 | |
| | 0.0156 0.0115 | 0.0000 | 0.8750 1.1429 | 5 |
| Duenndarm | | 0.0132 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0052 | 1.7269 0.5791 | |
| Endokrines Gėwebe | | 0.0050 | 0.6792 1.4722 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0030 | 0.0041 | 0.7200 1.3890 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0129 | 0.0000 undef | |
| - | 0.0127 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 undef | 15 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 2.5219 | 20 |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| | 0.0180 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0085 | 1.2795 0.7815 | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef 0.0000 | 23 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0319 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | _ | | | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0125 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| _ | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0107 | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | MODMTEDME /CIII | STRAHIERTE BIE | OT TOPHENERS | 50 |
| | %Haeufigkeit | SIVENIERIE DI | PIOTIEVEN | |
| Brust | 0.0000 | ¥ | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock_t | | | | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| | 0.0099 | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | 0.0082 | | | |
| | 0.0100 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | 65 |
| | | | | |

DE 188 18 620 V I

```
Uterus_n 0.0208
                                                                        59
                                       0000.0 ansprosanni2
                                       Prostata 0.0137
                                       Nerven 0.0161
                                       Lunge 0.0082
                                       Moden 0.0000
                                                                        09
                                       Haut-Muskel 0.0000
                                       Haematopoetisch 0.0171
                                       Gastrointestinal 0.0000
                                       Foetal 0.0198
                                       Endokrines_Gewebe 0.0245
                                                                        ςς
                                       Eierstock_t 0.0203
                                       Eierstock_n 0.0000
                                       Brust 0.0000
                                 $Haeufigkeit
          NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                       05
                                       Sinnesorgane 0.2762
                                       Prostata 0.0000
                                       Placenta 0.0121
                                                                       57
                                       Miere 0.0062
                                       Nebenniere 0.0507
                                       Lunge 0.0181
                                       Herz-Blutgefaesse 0.0213
                                       Hepatisch 0.0000
                                                                       07
                                       0000.0 Jush
                                       48ematopoetisch 0.0079
                                       Gehirm 0.0125
                                       Gastrointenstinal 0.0167
                                       Entwicklung 0.0278
                               &Haeufigkeit .
                                                                       Sε
                                       EOETUS
                                       Parix 0.0319
                                       Weisse_Blutkoerperchen 0.0087
                                       Sinnesorgane 0.0118
                                       Samenblase 0.0178
                                       Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                       Brust-Hyperplasie 0.0320
      oooo.o lebau.
                          0000.0
                                       Uterus_allgemein 0.0153
                                                                       52
       Jabnu 0000.0
                          0.0204
                                       Uterus_Myometrium 0.0000
      undef 0.0000
                          0.000.0
                                       Uterus_Endometrium 0.0068
      1.0236 0.9769
                          0.0021
                                       Prostata 0.0022
      0000.0 lebnu
                          0000.0
                                       Penis 0.0120
      0.2991 3.3428
                                       Pankreas 0.0033
                          0.0110
                                                                       70
      £189.1 8162.0
                          TEIO.O
                                       Niere 0.0081
      0.2142 4.6693
                          0.0240
                                       Muskel-Skelett 0.0051
       0.000.0
                          7050.0
                                       Magen-Speiseroehre 0.0000
                                       Lunge 0.0239
      2.3370 0.4279
                          0.0102
       labam labam
                          0000.0
                                       0000.0 naboH
                                                                       SI
      0.6939 1.4412
                          8750.0
                                       Herz 0.0191
       1.0000 undef
                          0.0129
                                       Hepatisch 0.0000
      0000.0 lebnu
                          0000.0
                                       Haut 0.0184
      0.2117 4.7230
                          6750.0
                                       Haematopoetisch 0.0080
                          ₱9T0°0
      0.7200 1.3890
                                       Gehirn 0.0118
                                                                       01
      1.2425 0.8048
                          9700.0
                                       Gastrointestinal 0.0057
      0.9057 1.1042
                          2700.0
                                       Endokrines_Gewebe 0.0068
      0.1535 6.5146
                                       Eierstock 0.0060
                          0650.0
      0000.0 lebnu
                          0000.0
                                       Duenndarm 0.0061
0860.0
           10.2079
                          6100.0
                                       Brust 0.0192
                                                                       ς
      4.0678 0.2458
                          LL00.0
                                       Blase 0.0312
         N/T
               *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
      Verhaeltnisse
                          ROMUT
                                       NORMAL
```

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch | 0.0156 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0015 0.0013 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T undef undef undef undef undef undef undef | undef undef undef undef 0.0000 0.0000 | 5 |
|---|--|---|--|--|----|
| Hepatisch Herz Hoden | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef undef undef | undef undef undef undef undef | 15 |
| Niere Pankreas | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 20 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 | undef undef | undef | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 | | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | 0.0000 | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| • | NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit | STRAHIERTE BIE | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Eierstock_t Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven | 0.0000 0.0032 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0083
                                                                  59
                                  Sinnesorgane 0.0000
                                  Prostata 0.0274
                                  Nerven 0.0000
                                  Lunge 0.0164
                                  0000.0 naboH
                                                                  09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                  Raematopoetisch 0.0057
                                  Gastrointestinal 0.0000
                                  Foetal 0.0000
                                  Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                  ςς
                                 Eierstock_t 0.0759
                                 Eierstock n 0.0000
                                 Brust 0.0000
                           &Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                  90
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                  Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                  SÞ
                                 Niere 0.0000
                                  Nebenniere 0.0000
                                 Innge 0.0000
                                  Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                  Hepatisch 0.0000
                                  Maut 0.0000
                                                                  04
                                  Haematopoetisch 0.0000
                                  Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0056
                                 Entwicklung 0.0000
                            %Haeufigkeit
                                                                  Sε
                                 FOETUS
                                  Zervix 0.0000
                                  Weisse_Blutkoerperchen 0.0095
                                  Sinnesorgane 0.0118
                                  Samenblase 0.0000
                                  Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                  Brust-Hyperplasie 0.0032
0000.0 lebnu
                                  Uterus_allgemein 0.0051
                    000000
                                                                  57
                                  Uterus_Myometrium 0.0076
0000.0 lebnu
                    0000.0
 Jebnu 0000.0
                    8220.0
                                  Uterus_Endometrium 0.0000
3.0709 0.3256
                                  Prostata 0.0065
                    0,0021
 undef undef
                    0000.0
                                  Penis 0.0000
                                  Pankreas 0.0000
 1.0000 undef
                    0.0221
                                                                  70
                    LETO'0
 Jebnu 0000.0
                                  Niere 0.0000
0000.0 leban
                    0000.0
                                  Muskel-Skelett 0.0017
                                 Magen-Speiseroehre 0.0097
undef 0.0000
                    0.000
2.0321 0.4921
                    1900.0
                                  Lunge 0.0125
 lebnu lebnu
                    0000.0
                                  0000.0 naboH
                                                                  51
0000.0 lebnu
                    0.000.0
                                  SA00.0 SYSH
 undef undef
                    0,000
                                  Mepatisch 0.0000
0000.0 lebm
                                 Haut 0.0073
                    0.000
9788.83 880.0
                    8570.0
                                  Haematopoetisch 0.0027
                                  Gehirn 0.0022
0.2160 4.6299
                    0.0103
                                                                  01
                    0.000
                                  Gastrointestinal 0.0096
0000.0 lebnu
6888.2 8691.0
                                  Endokrines_Gewebe 0.0017
                    0.0100
STET.1 38T8.0
                                  Eierstock 0.0030
                    0.0052
E763.5 TOTE.0
                                  Duenndarm 0.0061
                    910.0
$69$.1 8089.0
                     9500.0
                                  Brust 0.0038
                                                                  ς
undef 0.0000
                    0000.0
                                  Blase 0.0195
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
Verhaeltnisse
                     TUMOR
                                  NORMAL
```

| | 0.0507 0.0153 0.0276 0.0270 0.0119 0.0096 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0179 0.0000 0.0000 0.0000 0.0075 0.0046 0.0010 | Verhaeltnisse N/T T/N 2.8330 0.3530 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 1.5849 0.6309 2.0708 0.4829 4.3198 0.2315 | 5 |
|--|--|---|--|----|
| Hepatisch Herz Hoden Lunge | 0.0000 0.0000 0.0201 0.0115 0.0073 | 0.0000 0.0000 0.0065 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 | 15 |
| Pankreas | 0.0771 0.0000 0.0033 0.0210 0.0174 | 0.0230 0.0000 0.0068 0.0221 0.0000 0.0106 0.0000 | 2.5211 0.3967 undef 0.0000 0.0000 undef 0.1496 6.6857 undef 0.0000 1.6378 0.6106 undef 0.0000 | 20 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0229 0.0357 0.0096 0.0149 0.0534 | 0.0000 | 3.3668 0.2970 undef 0.0000 | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 0.0000 0.0000 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | 0.0083 | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0062 0.0242 0.0748 | · | | 45 |
| Brust Eierstock n | %Haeufigkeit 0.0816 | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_t Endokrines_Gewebe | 0.0000 0.0000 0.0041 0.0244 | | | 55 |
| Haut-Muskel Hoden | 0.0097 0.0000 0.0000 0.0030 | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

DE 188 18 620 Y I

| | | 0.000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | 69 69 88 |
|--|--|---|---|----------------|
| PLIOTHEKEN | IIE STRSIHARTE | MORMIERTE/SUR | | oc |
| | | • | | 05 |
| | | 2700.0 0.0000 0.0124 0.0121 0.0249 | Junge Nebenniere | SÞ |
| | | 0000.0 6500.0 0000.0 0000.0 | Gehirn Haematopoetisch | 07 |
| | | | Entwicklung Gastrointenstinal | 32 |
| | | 0.0000 0.0235 0.0000 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| 0000.0 labru 19bnu 0000.0 0000.0 labru 0.000.0 lebru 19bnu labru 19bnu labru | 0000.0 0000.0 8900.0 0000.0 | 0.0068 0.0305 0.0000 0.0292 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Allgemein Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 57 |
| 0.9526 I.0498 0.0000 undef 0.3807 2.6265 undef u.0000 undef 0.0000 | 7700.0 0810.0 0000.0 0000.0 | 6900.0 0000.0 7100.0 | Magen-Speiseroehre Niere Magen-Speiseroehre | 70 |
| undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef I.5420 0.6485 undef undef | 0000.0 0000.0 2000.0 7510.0 0000.0 | 7200.0 9810.0 0000.0 2120.0 0000.0 | haematopoetiash Haut Hepatisch Terz Herz Hoden | ςι |
| 0000.0 labnu 0000.0 labnu 0000.0 labnu 0000.0 labnu 0000.0 labnu 0000.0 labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0.0031 0.0120 0.0000 0.0000 | Duenndarm Eleratock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gastrointestinal | 01 |
| Verhaeltnisse N/T T/N undef 0.0000 6.1248 0.1633 | TUMOR 8Haeuftgkeit 0,0000 | NORMAL %Haeufigkeit 0.0230 | | S |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|--------------------------|-------------------------------|------------------|-----------------------------|----|
| | | %Haeufigkeit | | |
| | 0.0312 | 0.0026 | 12.2035 0.0819 | 5 |
| | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 0.3674 | |
| Duenndarm Eierstock | | 0.0000 0.0026 | undef undef 0.0000 undef | |
| Endokrines Gewebe | | 0.0025 | 0.6792 1.4722 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0022 | 0.0041 | 0.5400 1.8520 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 12.9706 | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 0.9842 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | | 0.0055 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0021 | 2.0473 0.4885 | |
| Uterus Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0124 | | | |
| Placenta | | | | 45 |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| - | | | | |
| | NODMINDER /CT | ompaurenes es | OL TOMURVEN | 50 |
| | NORMIERTE/SUI %Haeufigkeit | BTRAHIERTE BI | PITOTHEKEN | |
| Rrnet | 0.0340 | | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock t | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | 55 |
| - | 0.0012 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | 0.0082 | | | |
| | 0.0020 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane Uterus n | | • | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

| ВГІОДНЕКЕЙ | 18 3TA3TH4ATT8 : | ##seutigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | \$9 \$9 \$5 |
|---|--|--|---|-------------------|
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | ning Gehirch Haematopoetisch Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Mebenniere | St 017 |
| | | 8200.0 | Entwicklung Gastrointenstinal | SE. |
| · | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| 19bnu 0000.0 short indef nodef lebnu lebnu | 0000°0 0000°0 0000°0 TZ00°0 | 0000 0 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | 52 |
| ooooo labnu | 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0100.0 0000.0 0000.0 7200.0 0000.0 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Miere Pankreas | 70 |
| undef undef undef undef undef undef 0.1542 6.4853 undef undef | 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0000 0000 0000 0000 0000 0000 |) dozideoqodsmeaH duaH dozideqeH | \$1 |
| N/T T/N N/T T/N 1000.0 ibnu 1000.0 ibnu 1000.0 indef 1000.0 indef 1000.0 indef 1000.0 | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 9510°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | Blase (Brust (Brust (Duenndarm (Eierstock (Endokrines Gewebe (Gastrointestinal (| 01 \$ |
| Verhaeltnisse | TUMOR | 10RMAL | | |

| Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch | 0.0312 0.0102 0.0031 0.0060 0.0000 0.0019 0.0037 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0019 0.0000 0.0050 0.0050 0.0000 0.0031 0.0000 0.0000 | Verhaeltnisse N/T T/N 12.2035 0.0819 5.4442 0.1837 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 1.1999 0.8334 undef undef undef 0.0000 | 5 |
|---|--|---|---|----|
| Hepatisch Herz Hoden | 0.0000 0.0021 0.0000 0.0042 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0020 0.0000 | undef undef undef 0.0000 undef undef 2.0321 0.4921 undef undef | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0054 0.0017 0.0030 0.0000 | 0.0180 0.0068 0.0055 0.0000 0.0000 | 0.0952 10.5060 0.7930 1.2610 0.2991 3.3428 undef 0.0000 undef undef | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0000 0.0102 0.0032 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef 0.0000 | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 0.0706 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0039 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0062 0.0667 0.0249 | | | 45 |
| Brust | NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0136 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0203 0.0000 0.0140 0.0000 | | | 55 |
| Lunge Nerven | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

DE 188 18 650 V I

| згіоднекей | 118 3TA3IHAЯT0 | \$48eufigkeit 0.0068 0.0000 0.0051 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Gastrointestinsl Haematopoetisch Haematopoetisch Haut-Muskel | \$9 09 \$\$ |
|--|--|---|--|-------------------|
| | | | | |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Мерепліеге | SÞ |
| | | 0000.0 0000.0 0000.0 | Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 017 |
| | | | Entwicklung Entwicklung | SE. |
| | | 0000.0 0000.0 7100.0 | Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | 30 |
| 0000.0 ləbnu 0000.0 ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 0.0000.0 0.0000.0 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 57 |
| ləbnu ləbnu ləbnu ləbnu | 0000.0 0000.0 | 0000.0 | Pankreas Penis | 20 |
| undef undef 1.0161 0.9842 undef undef undef undef 0.0000 undef | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 8000.0 | 0000.0 0000.0 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere | |
| undef undef undef undef undef undef undef undef | 0000.0 0000.0 0000.0 | 0000.0 0000.0 1200.0 | Hepatisch Krz | Şī |
| 0000.0 labnu 0000.0 labnu labnu labnu 1abnu labnu 0000 0 labnu | 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 1500.0 | 0600.0 0000.0 0000.0 7000.0 | Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gestrointestinal Gestrointestinal | 01 |
| 0000.0 lebnu lebnu 0000.0 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0038 | 0000°0 9\$10°0 | Brust | ς |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|---------------|----------------------------|----|
| | | %Haeufigkeit | | |
| Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0038 | 0.0019 | 2.0416 0.4898 | _ |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | | 0.0052 | 2.3025 0.4343 | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | | 0.0051 | 0.1440 6.9448 | |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0129 | 0.0000 undef | |
| | 0.0042 | 0.0137 | 0.3084 3.2426 | 15 |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef undef undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | | 0.0276 | 0.2393 4.1785 | 20 |
| | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 undef | |
| Prostata | | | undef 0.0000 | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus allgemein | | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | - | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | | • | | |
| | 0.0062 | | | 45 |
| Placenta | -, | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SU | STRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock n | 0.0000 | | | |
| Eierstock t | 0.0000 | | | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0017 | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | • | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0000 | | | 60 |
| | 0.0000 | | | |
| | 0.0020 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0003 | | | 65 |
| | | | | |

DE 188 18 650 V I

| | | T#C0.0 | Oferus_n | 59 |
|---------------|----------------|-----------------|------------------------|-----|
| | | | Sinnesorgane | 37 |
| | | | | |
| | | | Prostata | |
| | | 0900.0 | | |
| | | 0000.0 | | |
| | | 0.000 | пэрон | 09 |
| | | 0.0032 | Haut-Muskel | |
| | | 0000.0 | Наетатороетізср | |
| | | | Gastrointestinal | |
| | | | Foetal | |
| | | | Endokrines Gewebe | |
| | | | Eierstock t | SS |
| | | | | |
| | | | Eierstockn | |
| | | 0.0204 | terra | |
| | | \$Haeufigkeit | | |
| BLIOTHEKEN | BTRAHIERTE BII | NORMIERTE/SU | | 90 |
| | | | | 0.2 |
| | | | | |
| | | 0000.0 | Sinnesorgane | |
| | | 6670.0 | Prostata | |
| | • | | Placenta | |
| | | 0000.0 | | SÞ |
| | | | Мерепліете | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | | |
| | | | Herz-Blutgefaesse | |
| | | | Hepatisch | |
| | | 0000.0 | Haut | 0⊅ |
| | | 8110.0 | Haematopoetisch | |
| | | 0000.0 | Сећігл | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | | Ептитски | |
| | | &Haeufigkeit | | 32 |
| | | | | 36 |
| | | EOELUS | | |
| | | | | |
| | | CT30:0 | VT 4 7 3 7 | |
| | | | Zervix | |
| | | | Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| | | | Sinnesorgane | |
| | | | Samenblase | |
| | | 9 <i>L</i> ₹0.0 | Prostata-Hyperplasie. | |
| | | 0.0128 | Brust-Hyperplasie | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Oferus_allgemein | C7 |
| 3,9279 0.2546 | 2720.0 | | Uterus Myometrium | 52 |
| | | | Uterus Endometrium | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | | |
| 1.5013 0.6661 | 0.0319 | | Prostata | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 0.1258 | | |
| 0.2991 3.3428 | 0.0110 | 6.00.0 | Pankreas | 70 |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 7200.0 | Niere | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 0.0103 | Wuskel-Skelett | |
| 1.2605 0.7933 | 0.0230 | | Wagen-Speiseroehre | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 1500.0 | | |
| undef undef | | | | |
| | 0000.0 | 0000.0 | | \$1 |
| 0000.0 lebnu | 0,000 | 0.0042 | | |
| 2.9412 0.3400 | 2900.0 | | Hepatisch | |
| 0000.0 lebnu | 0,000 | 0.010 | | |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | 6200.0 | Haematopoetisch | |
| 0.7200 1.3890 | I₽00.0 | | Gehirn | |
| .undef 0.0000 | | | Gastrointestinal | 01 |
| 0.000 undef | 0200.0 | | Endokrines Gewebe | |
| 4.6050 0.2172 | 9200.0 | | Eierstock | |
| | | | | |
| 2.2244 0.4496 | 9910.0 | | masbandarm | |
| nnoo-a taniin | 00000 | 0.0102 | 181114 | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | | | c |
| 875£.0 6020.E | 0.0204 | ₽290.0 | | ς |
| 875£.0 6020.E | | ₽290.0 | | ς |
| 875£.0 6020.E | 0.0204 | ₽290.0 | | ς |

| | 0.0156 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0019 0.0000 0.0000 0.0000 | N/T | undef undef undef | 5 |
|--|--|---|--|----------------------------------|----|
| Gehirn Haematopoetisch | 0.0007 0.0000 0.0037 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef | 0.0000 undef 0.0000 | 10 |
| Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef | undef undef undef undef | 15 |
| Pankreas | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | undef undef undef undef undef undef | undef undef undef undef | 20 |
| Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | 0.0000 0.0000 | undef undef | | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix | | · | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn | 0.0000 | | | | 35 |
| Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 | | | | 40 |
| Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 45 |
| Brust Eierstock n | %Haeufigkeit 0.0000 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHE | KEN | 50 |
| Eierstock_t Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 55 |
| Haut-Muskel Hoden | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | | 60 |
| Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 188 18 620 V I

| | | 0000.0 | Oterus_n | 59 |
|--|---|--|--|----------------|
| | | | Sinnesorgane | 3, |
| | | | Frostata 12 | |
| | | | Истуел | |
| | | | | |
| | | 0000.0 | | |
| | | ₹\$T0°0 | | 09 |
| | | | Hsnf-WnskeJ | |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Gastrointestinal | |
| | | 9000.0 | Foetal | |
| | | 0.000 | Endokrines Gewebe. | çç |
| | | 0,000 | Eierstock_t | >> |
| | | | ETERSTOCK | |
| | | 0000.0 | | |
| | | %Haeufigkeit | 4************************************** | |
| NAMBRICAL | STRAHIERTE BIE | | | |
| NAMES EN | ard amdarukame | MODWIED TO STEEL STIME | | 20 |
| | | | | |
| | | 000000 | auphrocamure | |
| | | | Single | |
| | | | Prostata | |
| • | | | Placenta | 54 |
| | | 0.000 | | 30 |
| | | | Nebenniere | |
| | | 0000.0 | pbung | |
| | · | 0000.0 | Herz-Blutgefaesse | |
| | | 0000.0 | Hepatisch | |
| | | 0000.0 | | 01⁄2 |
| | | | Haematopoetisch | |
| | | | Серти | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | | Entwicklung | |
| | | 0000 0 | Dan [42 intag | |
| | | 0.TOU.6.T.T.D.T.T. | | |
| | | %Haeufigkeit | | 32 |
| | | FOETUS %Haeufigkeit | | 32 |
| | | | | 32 |
| | | FOETUS | | SE |
| | | 0.0000 FOETUS | ZGLAĮX | 32 |
| | | 0.0026 0.0000 FOETUS | Weisse_Blutkoerperchen | 32 |
| | | 0.0026 0.0000 FOETUS | | |
| | | 0.0000 0.0026 0.0000 FOETUS | Weisse_Blutkoerperchen | |
| | | 0.0000 0.0000 0.0026 0.0000 | Meisse_Blutkoerperchen Sinnesorgane | |
| | | 0.0089 0.0000 0.0026 0.0026 | Meisse_Blutkoerperchen Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | |
| nuqeį nuqeį | 0000.0 | 0.0000 0.0089 0.0000 0.0026 0.0026 0.0000 | Brust-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane Meisse Blutkoerperchen | 30 |
| | 0000°0 | 0,000 0,0089 0,0000 0,0000 0,0006 0,0000 | Uterus allgemein Brust-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | |
| 2.2445 0.4455 | 8900'0 | 0.0152 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0026 0.0000 | Uterus Myometrium Uterus allgemein Brust-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | 30 |
| undef undef S.S445 0.4455 | . 8900°0 | 0.0000 0.0152 0.0000 0.0000 0.0000 0.0026 0.0026 0.0000 | Uterus_Myometrium Uterus_Myometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | 30 |
| 0.6824 1.4654 undef undef 2.2445 0.4455 | \$900°0 \$900°0 | 0.0044 0.0000 0.0056 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | 30 |
| undef undef 0.6824 1.4654 undef undef 2.2445 0.4455 | 8900°0 0000°0 9900°0 | 0.0000 0.0044 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Penis Prostata Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Alyperplasie Brustata-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | 30 |
| 0.000.0 0.000.0 0.0000 under 0.0000 under 0.0000 under 0.0000 under | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Pankreas Penis Prostata Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane | 30 |
| undef 0.0000 0.0000 0.0000 undef undef 0.6824 1.4654 undef undef 2.2445 0.4455 | 0000°0 8900°0 0000°0 0000°0 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Niere Pankreas Penis Prostata Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Alyperplassie Brust-Hyperplassie Prostata-Hyperplasse Samenblase Sinnesorgane Sinnesorgane | 30 |
| 0.000.0 labru 0.000.0 labru 0.000.0 undef undef undef 0.6824 1.4654 undef undef 2.445 0.4455 | 8900°0 0000°0 7900°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0017 0.0027 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Muskel-Skelett Niere Pankreas Penisa Prostata Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 30 |
| 1abnu labnu | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0000 0.0027 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penstata Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Ayometrium Uterus Ayometrium Samenblasie Prostata-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Ryperplasie Brust-Ryperplasie Brust-Ryperplasie Brust-Ryperplasie | 30 |
| 19bnu 19der nader 19bnu 19der 19bnu 19der | 8900°0 0000°0 7900°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0010 0.0017 0.0007 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Penises Penises Prostata Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Ayometrium Samenblasie Brostata-Hyperplasie Brostata-Hyperplasie Sinnesorgane Sinnesorgane | 30 |
| 1abnu labnu | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0058 0.0010 0.0027 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penise Penise Penise Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Ryperplasie B | 30 |
| 19bnu 19der nader 19bnu 19der 19bnu 19der | 8900°0 0000°0 7900°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0010 0.0017 0.0007 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penise Penise Penise Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Ryperplasie B | 30 |
| 0000.0 labnu nader 0.0000.0 labnu labnu labnu olo00.0 labnu labnu olo00.0 labnu labn | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0054 0.0058 0.0010 0.0027 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penise Penise Penise Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Ryperplasie B | 30 |
| 0.4626 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef undef undef undef undef undef undef undef | 0000°0 000°0 00°0 | 0.0054 0.0058 0.0010 0.0027 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Herstisch Hers Hoden Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Miskel-Skelett Niere Pankreas Pankreas Penis Penis Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Samenblase | 30 |
| 0000.0 andef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef 0.6824 1.4654 undef 0.6824 1.4654 undef un | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.000 0.0056 0.0000 | Herstisch Hers Hoden Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Miskel-Skelett Niere Pankreas Pankreas Penis Penis Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Samenblase | 30 |
| 19bm 19bm 19bm 19bm 19bm 19bm 19bm 19bm | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0000 | Haematopoetisch Haut Habtisch Herz Hoden Hoden Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Prostata Uterus Endometrium Uterus Myometrium Uterus Myometrium Uterus Allgemein Samenblasie Brust-Hyperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brust-Aperplasie Brustata-Hyperplasie | 30 |
| 0.000.0 labnu mader bind bind labnu labnu labnu 0.000.0 labnu labn | 00000000000000000000000000000000000000 | 0.0000 | Gehirn Haematopoetisch Haut Haerisch Herz Hoden Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Prokreas Prokreas Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Samenblasse Prostata-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie | 30 |
| 19bm 19bm 19bm 19bm 100000 100000 19bm 100000 19bm 100000 19bm | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0000 0.0007 0.0000 0. | Gastrointestinal Gehirn Gehirch Haematopoetisch Hart Hapatisch Hart Hart Hart Hart Hart Hart Hart Hart | 30 |
| 0.005 midel midel midel midel midel o.0000 midel | 0.000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0 0000 0 0 0000 | 0.0007 0.0007 0.0000 0. | Endokrines Gewebe Gastrointestinsl Gehirn Haematopoetisch Harts Hepatisch Herz Hoden Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Prostetet Penis Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Samenblasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie Brust-Hyperplasie | 30 |
| 8686.0 8686.0 0.440.0 0.462.0 0.000.0 0.1640.0 0.000.0 | 00000000000000000000000000000000000000 | 0.0030 0.0000 0. | Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Habertsch Haer Haer Haer Haer Haer Haer Haer Haer | 30 |
| 00000 abdu of the color of the | 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 0000 0 | 0.0031 0.0031 0.0000 0. | Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gestrointestinal Genirn Haematopoetisch Haer Haer Haer Haer Haer Haer Haer Haer | 30 |
| 0.686.0 1.4696 on the color of | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0026 0.0027 0.0000 0. | Brust Bierstock Bierstock Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinsl Gastrointestinsl Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz Hoden Herz Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Prostetet Prostetet Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Samenblasie Brust-Hyperplasie Sinnesorgane | 30 57 07 |
| 0000.0 labnu hobe. 2008.0 0.000.0 labnu la | 8900.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 0000.0 | 0.0026 0.0026 0.0026 0.0000 0. | Brust Bierstock Bierstock Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinsl Gastrointestinsl Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz Hoden Herz Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Prostetet Prostetet Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Samenblasie Brust-Hyperplasie Sinnesorgane | 30 |
| 0000.0 labnu hobe. 2008.0 0.000.0 labnu la | 8900°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 0000°0 | 0.0026 0.0026 0.0026 0.0000 0. | Brust Bierstock Bierstock Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinsl Gastrointestinsl Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz Hoden Herz Hoden Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Magen-Speiseroehre Prostetet Prostetet Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Uterus Endometrium Samenblasie Brust-Hyperplasie Sinnesorgane | 30 57 07 |

| NORMAL | TUMOR | Verhae | ltnisse | | |
|--------------------------------------|------------------|------------------|--------------------------------|---|----|
| | | %Haeufigkeit | N/T T/N | | |
| Blase | 0.0819 | 0.0383 | 2.1356 0.4682 | | 5 |
| Brust | 0.0473 | 0.0320 | 1.4811 0.6752 | | |
| Duenndarm | | 0.0331 | 1.3903 0.7193 | • | |
| Eierstock | | 0.0442 | 1.2190 0.8204 | | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0652 | 0.7576 1.3199 | | |
| Gastrointestinal | | 0.0139 | 5.7984 0.1725 | | 10 |
| Gehirn | | 0.0390 | 1.1557 0.8653 | | |
| Haematopoetisch | | 0.0379 | 0.9881 1.0121 | | |
| | 0.0367 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Hepatisch | | 0.0323 | 0.5882 1.7000 | | |
| | 0.0382 0.0173 | 0.0825 | 0.4626 2.1618 | | 15 |
| | | 0.0117 | 1.4759 0.6775 | | |
| ₹ | 0.0384 | 0.0184 | 2.0886 0.4788 | | |
| Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett | | 0.0537 0.0240 | 1.0805 0.9255 2.1416 0.4669 | | |
| | 0.0314 | 0.0240 | 1.0196 0.9808 | | |
| Pankreas | | 0.0663 | 0.4986 2.0057 | • | 20 |
| | 0.0359 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Prostata | | 0.0617 | 0.9883 1.0118 | | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Uterus Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Uterus allgemein | | 0.0000 | undef 0.0000 | | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | 0.0737 | | | ; | 30 |
| Zervix | 0.0319 | | | | |
| | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | , | 35 |
| Entwicklung | | | | • | 33 |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | | | | • | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | | |
| - | 0.0325 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| Niere | 0.0432 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0303 | | • | • | 43 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | | | |
| | | | | | |
| | NORMTERTE/SUE | STRAHIERTE BIE | RI.TOTHEKEN | : | 50 |
| | %Haeufigkeit | D11 | | | |
| Brust | 0.0340 | | | | |
| Eierstock n | | | | | |
| Eierstock t | | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | : | 55 |
| Foetal | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0488 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0285 | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| | 0.0154 | | | • | 60 |
| | 0.0164 | | | | |
| Nerven | | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | 0.0416 | | | • | 65 |
| | | | | | |

```
Uterus_n 0.0000
                                                                 59
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Nerven 0.0070
                                 0000.0 epnul
                                 Moden 0.0000
                                                                 09
                                 Haut-Muskel 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0000
                                 Foetal 0.0006
                                 Endokrines Gewebe 0.0000
                                                                 ςς
                                 Eierstock_t 0.0000
                                 Eierstock_n 0.0000
                                 Brust 0.0000
                           &Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                 05
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0000
                                                                 57
                                 Niere 0.0062
                                 Nebenniere 0.0254
                                 Lunge 0.0000
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                 Hepatisch 0.0000
                                                                 07
                                 Maut 0.0000
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.000
                                 Entwicklung 0.0000
                           $Haeufigkeit
                                                                 32
                                 FOETUS
                                 Zervix 0.0106
                                 Weisse Blutkoerperchen 0.0026
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Samenblase 0.0000
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0000
                                 Brust-Hyperplasie 0.0000
 mdef undef
                    0.000
                                 Uterus_allgemein 0.0000
                                                                 52
 lebnu lebnu
                    00000.10
                                 Uterus_Myometrium 0.0000
                                 Uterus_Endometrium 0.0000
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Prostata 0.0022
0000.0 leban
                    0.000
 labnu labnu
                    0.000
                                 Denis 0.0000
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 Pankreas 0.0000
                                                                 50
0000.0 leban
                                 Niere 0.0027
                    0000.0
0000.0 lebau
                    0.000
                                 Muskel-Skelett 0.0034
 Jaban Jaban
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
                    0000.0
 19bau 0000.0
                    0.0020
                                 Lunge 0.0000
 lebnu lebnu
                    0.000
                                 0000.0 neboH
                                                                 S٦
0000.0 lebm
                    0000.0
                                 Herz 0.0011
 Japun japun
                                 Hepatisch 0.0000
                    0000.0
 lebnu lebnu
                                 Maut 0.0000
                    0000.0
 undef undef
                                 Haematopoetisch 0.0000
                    0000.0
1.2599 0.7937
                    1400.0
                                 Gehirn 0.0052
                                                                 01
0000.0 leban
                    0000.0
                                 Gastrointestinal 0.0038
                                 Endokrines_Gèwebe 0.0017
0.6792 1.4722
                    0.0025
 lebnu lebnu
                    0.0000
                                 Eierstock 0.0000
                                 Duenndarm 0.0031
undef 0.0000
                    0.000.0
$69$.1 2089.0
                    8500.0
                                 Brust 0.0026
                                                                 ς
0000.0 lebnu
                    0000.0
                                 Blase 0.0195
   N/T
         *Haeufigkeit *Haeufigkeit N/T
Verhaeltnisse
                                 NORMAL
                     ROMUT
```

| | AMADON | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---|------------------|---------------|-------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Blase | 0.0273 | | 5.3391 0.1873 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | , |
| Duenndarm | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0025 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | | 0.0041 | 1.4399 0.6945 undef 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| - | 0.0032 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 undef | 15 |
| | 0.0052 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0077 | 0.0000 undef | |
| Muskel-Skelett | | 0.0000 | undef undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| | 0.0150 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | | 0.0085 | 1.2795 0.7815 | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | | 0.0000 | undef undef | 23 |
| Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Prostata-nyperprasie Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | | | | 30 |
| <u> </u> | 0.0000 | | | 55 |
| 501.21 | | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | | | | |
| Gastrointenstinal | | | | |
| | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | 43 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMTERTE/SU | STRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0136 | | | |
| Eierstock n | | | | |
| Eierstock t | 0.0051 | | | |
| Endokrines_Gewebe | | | | 55 |
| | 0.0035 | | | |
| Gastrointestinal | | | | |
| Haematopoetisch | | | | |
| Haut-Muskel | | | | |
| | 0.0077 0.0000 | | | 60 |
| , | 0.0030 | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Uterus n | | | | 65 |
| | | | | 35 |

DE 188 18 620 Y I

```
Uterus_n 0.0083
                                                                 59
                                 Sinnesorgane 0.0077
                                 Prostata 0.0000
                                 Merven 0.0060
                                 Lunge 0.0001
                                 0000.0 naboH
                                                                 09
                                 Haut-Muskel 0.0032
                                 Haematopoetisch 0.0000
                                 Gastrointestinal 0.0122
                                 Foetal 0.0052
                                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                 ςς
                                 Eierstock t 0.0152
                                 Eierstock n 0.0000
                                 Brust 0.0136
                           $Haeufigkeit
    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                 05
                                 Sinnesorgane 0.0000
                                 Prostata 0.0000
                                 Placenta 0.0061
                                                                 St
                                 Niere 0.0000
                                 Nebenniere 0.0254
                                 Lunge 0.0000
                                 Herz-Blutgefaesse 0.0391
                                 Hepatisch 0.0000
                                 Maut 0.0000
                                                                 07
                                 Maematopoetisch 0.0000
                                 Gehirn 0.0000
                                 Gastrointenstinal 0.0139
                                 Entwicklung 0.0278
                           $Haeufigkeit
                                                                 Sε
                                 EOETUS
                                 Zervix 0.0000
                                 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                 Sinnesorgane 0.0118
                                 Samenblase 0.0178
                                 Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                 Brust-Hyperplasie 0.0064
                                 Uterus_allgemein 0.0407
0000.0 lebm
                    0.000.0
                                                                 52
                                 Uterus_Myometrium 0.0152
0.4489 2.2276
                    0,0340
                                 Uterus_Endometrium 0.0068
0000.0 lebau
                   0.000
79E1.1 #778.0
                    6 £ TO'0
                                Prostata 0.0131
undef 0.0000
                   0000.0
                                 Penis 0.0599
19bnu 0000.0
                   6200.0
                                Pankreas 0.0000
                                                                 70
0000.0 lebru
                   0.000.0
                                 Niere 0.0054
                   0000.0
                                 Muskel-Skelett 0.0103
undef 0.0000
19bnu 0000.0
                   LL00.0
                                 Magen-Speiseroehre 0.0000
                    0.000.0
                                 Lunge 0.0021
0000.0 leban
0000.0 lebnu
                    0000.0
                                 8200.0 nsboH
                                                                 51
0000.0 lebnu
                    0000.0
                                 Herz 0.0233
0000.0 lebru
                 . 0000'0
                                 Repatisch 0.0095
0000.0 lebnu
                    0.000
                                 Haut 0.0073
0000.0 lebnu
                                 Haematopoetisch 0.0013
                    0.000.0
                                 Gehirn 0.0030
S$69.0 66E$.I
                   0.0021
                                                                 01
                                 Gastrointestinal 0.0115
1.2425 0.8048
                    6600.0
                                 Endokrines_Gewebe 0.0017
0000.0 lebru
                    0.000.0
 undef undef
                    0.000
                                 Eierstock 0.0000
0000.0 lebm
                    0.000
                                 Duenndarm 0.0184
2.0416 0.4898
                    8500.0
                                 Brust 0.0077
                                                                 ς
4.5763 0.2185
                    LL00.0
                                 Blase 0.0351
         %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
   N/T
Verhaeltnisse
                    TOMOT
                                 NORMAL
```

| | 0.0060 0.0017 0.0057 | TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0056 0.0000 0.0000 0.0050 0.0000 0.0021 | Verhaeltnisse N/T T/N 7.6272 0.1311 1.1342 0.8817 undef 0.0000 undef 0.0000 0.3396 2.9444 undef 0.0000 0.3600 2.7779 | 5 |
|---|--|---|--|----|
| Hepatisch Herz Hoden Lunge | 0.0073 0.0000 0.0095 0.0000 0.0021 | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0020 | undef 0.0000 undef 0.0000 undef undef undef 0.0000 undef undef 1.0161 0.9842 | 15 |
| Pankreas Penis Prostata | 0.0154 0.0054 0.0000 0.0210 0.0044 | 0.0077 0.0060 0.0000 0.0055 0.0000 0.0000 | 2.5211 0.3967 2.5700 0.3891 undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.0000 | 20 |
| Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase | 0.0152 0.0000 0.0128 0.0059 | 0.0000 0.0272 0.0000 | undef 0.0000 0.5611 1.7821 undef undef | 25 |
| Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 0.0017 0.0000 | | | 30 |
| Entwicklung Gastrointenstinal | | | | 35 |
| Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse | 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 40 |
| Nebenniere | 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | | | 45 |
| Brust | NORMIERTE/SUR %Haeufigkeit 0.0000 | BTRAHIERTE BI | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | 0.0000 0.0000 0.0012 0.0122 | | | 55 |
| Lunge | | | | 60 |
| Prostata Sinnesorgane Uterus_n | 0.0000 0.0000 | | | 65 |

```
Uterus_n 0.0000
                                                                59
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Nerven 0.0040
                                0000.0 spnul
                                Hoden 0.0000
                                                                09
                                Haut-Muskel 0.0162
                                Haematopoetisch 0.0000
                                Gastrointestinal 0.0000
                                Foetal 0.0006
                                Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                                ςς
                                Eierstock t 0.0000
                                Eierstock n 0.0000
                                Brust 0.0000
                          $Haeufigkeit
   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                                                05
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Prostata 0.0000
                                Placenta 0.0000
                                                                50
                                Niere 0.0000
                                Webenniere 0.0507
                                Lunge 0.0000
                                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                                Hepatisch 0.0260
                                                                0٥
                                Haut 0.0000
                                Haematopoetisch 0.0039
                                Gehirn 0.0000
                                Gastrointenstinal 0.000
                                Entwicklung 0.0000
                          &Haeufigkeit
                                                                32
                                EOETUS
                                Zervix 0.0000
                                Weisse_Blutkoerperchen 0.0009
                                Sinnesorgane 0.0000
                                Samenblase 0.0000
                                Prostata-Hyperplasie 0.0059
                                Brust-Hyperplasie 0.0000
lebnu lebnu
                   0000.0
                                Uterus allgemein 0.0000
                                                                52
                                Oterus_Myometrium 0.0000
                   8900.0
1.0000 undef
                                Uterus Endometrium 0.0000
undef undef
                   0000.0
2.0473 0.4885
                   6,0043
                                Prostata 0.0087
undef undef
                   0000.0
                                Penis 0.0000
undef undef
                   0000.0
                                Pankreas 0.0000
                                                                50
0000.0 lebnu
                   0000-0
                                Niere 0.0109
1.0000 undef
                   0900.0
                                Muskel-Skelett 0.0000
                   0.000.0
                                Magen-Speiseroehre 0.0000
lebru lebru
undef 0.0000
                   0.000.0
                                0100.0 epnul
                   0.000
undef undef
                                0000.0 naboH
                                                                51
0000.0 lebnu
                                Herr 0.0011
                   0.000
labru labru
                                Hepatisch 0.0000
                   0,000
                                Haut 0.0000
                   .000000
lebnu lebnu
Jebnu 0000.0
                   6750.0
                                Maematopoetisch 0.0000
                                Gehirn 0.0022
1.0799 0.9260
                   0.0021
                                                                10
0000.0 lebnu
                                Gastrointestinal 0.0057
                   0.000
0.3396 2.9444
                                Endokrines_Gewebe 0.0017
                   0.0050
Jebau 0000.0
                                Eierstock 0.0000
                   0.0026
0000.0 lebnu
                   0.000
                                Duenndarm 0.0031
$69$.1 8089.0
                                Brust 0.0013
                   6100.0
                                                                ς
7.6272 0.1311
                   0.0026
                                Blase 0.0195
        *Haeufigkeit *Haeufigkeit W/T
  N/T
Verhaeltnisse
                    TUMOR
                                NORMAL
```

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|---|--|--|-------------------------------|----------|
| | | %Haeufigkeit | | |
| Blase | 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0150 | 1.0208 0.9796 | J |
| Duenndarm | 0.0245 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0210 | 0.0078 | 2.6863 0.3723 | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0125 | 1.3585 0.7361 | |
| Gastrointestinal | | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | | 0.0133 | 0.9415 1.0622 | 10 |
| Haematopoetisch | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | | 0.0129 | 0.0000 undef . | |
| | 0.0127 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| | 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 1.0163 | |
| | 0.0114 | 0.0143 | 0.7983 1.2526 | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0307 | 0.3151 3.1733 | |
| Muskel-Skelett | | 0.0060 | 0.5711 1.7510 | |
| | 0.0326 | 0.0274 | 1.1896 0.8406 | 20 |
| Pankreas | 0.0629 | 0.0166 | 0.1994 5.0142 | 20 |
| Prostata | | 0.0000 0.0170 | undef 0.0000 0.6398 1.5631 | |
| Uterus Endometrium | | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus Myometrium | | 0.0068 | 4.4891 0.2228 | |
| Uterus allgemein | | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | under 0.0000 | 23 |
| Prostata-Hyperplasie | | | | |
| Samenblase | | | | |
| Sinnesorgane | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | 30 |
| Zervix | | | | 30 |
| 202 12 | | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 33 |
| Gastrointenstinal | 0.0111 | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | | | | |
| Herz-Blutgefaesse | | | | |
| 3 | 0.0072 | | | |
| Nebenniere | | | | |
| | 0.0062 | | | 45 |
| Placenta | | | | |
| Prostata | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | NODMIEDME / CHE | ,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,, | of Topus veni | 50 |
| | | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| Brust | %Haeufigkeit | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit 0.0000 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock n | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 |
| Eierstock_n Eierstock_t | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 50 55 |
| Eierstock n | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal | <pre>%Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000</pre> | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal | <pre>%Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057</pre> | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel | <pre>%Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057</pre> | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | <pre>\$Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057 0.0162</pre> | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden | <pre>\$Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057 0.0162 0.0077 0.0082</pre> | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057 0.0162 0.0077 0.0082 0.0120 | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge | %Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057 0.0162 0.0077 0.0082 0.0120 0.0205 | BTRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 55 |
| Eierstock_n Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata | <pre>%Haeufigkeit 0.0000 0.0000 0.0051 0.0000 0.0076 0.0000 0.0057 0.0162 0.0077 0.0082 0.0120 0.0205 0.0000</pre> | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | 55 |

DE 188 18 650 Y I

| гготнекей | аів атязінАят | ##aeufigkeit 9.0068 0.0000 0.0000 0.0000 0.0122 0.0122 0.0057 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 | Eierstock n Eierstock t Endokrines Gewebe Gastrointestinal Haematopoetisch Haeut-Muskel | 59 09 SS |
|--|--|--|---|----------------|
| | | | | 0.5 |
| | | 7120.0 \$20.0 \$810.0 1210.0 0000.0 | Мереппіеге | SÞ |
| | | 0000.0 | Hepatisch | |
| • | | 00000 | Haematopoetisch Haut | 04 |
| | | | mride2 | |
| | | | Gastrointenstinal | |
| | | 8Haeufigkeit 0.0139 | Entwicklung | 32 |
| | | FOETUS | | 30 |
| | | 0.000 0.0470 0.0121 | Meisse Blutkoerperchen Sinnesordane Weisse Blutkoerperchen | 30 |
| undef 0.0000 3.0709 0.3256 undef 0.0000 2.2445 0.4455 undef 0.0000 | 0.0000 0.0021 0.0000 0.0204 0.0000 | 8810.0 7240.0 8810.0 800.0 | Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie | 57 |
| 0000.0 lebnu | 0000.0 | | Pankreas | 50 |
| 0.0571 17.5100 3.1722 0.3152 | 00£0.0 8900.0 | LT00.0 | Muskel-Skelett Niere | |
| 0.0000 undef | 0.020 | | Magen-Speiseroehre | |
| 0.8891 1.1248 | \$9T0°0 | S\$T0.0 | | |
| 7.4649 0.6827 0000.0 1ebm | 7£10.0 0000.0 | 0.0201 0.0058 | • == | \$1 |
| 0038.1.8887.0 | 6210.0 | | Hepatisch | |
| undef 0.0000 | 0,000.0 | £700.0 | Haut | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | | Haematopoetisch | |
| undef 0.0000 0.3840 2.6043 | \$\$T0.0 | | Gastrointestinal Gehirn | 10 |
| 1.1321 0.8833 | 2700.0 | | Endokrines Gewebe | |
| 0.5756 1.7372 0.5756 1.7372 | \$0T0.0 | | Eierstock | |
| mrdef 0,0000 | 8200.0 0000.0 | \$810.0 | mzebūneud Jenza | |
| 0000.0 lebau | 0000.0 | 9ST0.0 | | S |
| | %Haeufigkeit | | ,- | |
| Verhaeltnisse | AOMUT | NORMAL | • | |
| | | | | |

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|---------------------------------------|------------------------|------------------|-------------------------------|------------|----|
| | | %Haeufigkeit | N/T T/N | | |
| | | 0.0000 | undef 0.0000 | | 5 |
| | 0.0090 | 0.0019 | 4.7637 0.2099 | | |
| Duenndarm | | | undef undef | | |
| Eierstock | | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Endokrines_Gewebe | | 0.0025 | 0.6792 1.4722 | | |
| Gastrointestinal Gehirn | | 0.0046 0.0010 | 0.0000 undef 3.5998 0.2778 | | 10 |
| Haematopoetisch | • | 0.0000 | undef undef | | |
| _ | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Hepatisch | | 0.0000 | undef undef | | |
| | 0.0074 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| | 0.0058 | 0.0234 | 0.2460 4.0652 | | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 5.9051 | | |
| Magen-Speiseroehre | | 0.0000 | undef undef | | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 undef | | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Pankreas | | 0.0110 | 0.1496 6.6857 | | 20 |
| | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | | |
| Prostata | | 0.0064 | 0.6824 1.4654 | | |
| Uterus_Endometrium | | 0.0000 | undef undef 1.6834 0.5940 | | |
| Uterus Myometrium | | 0.0136 | | | 25 |
| Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie | | 0.0000 | undef 0.0000 | | 23 |
| Prostata-Hyperplasie | | | | | |
| Samenblase | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | | | | : | 30 |
| | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | FORMUS | | | | |
| | FOETUS %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | | | | | 35 |
| Gastrointenstinal | | | | | |
| Gehirn | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| | 0.0000 | | | , | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | ~ |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | * | | | |
| | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | | | | | |
| | 0.0000 | | | 4 | 45 |
| Placenta | | | | | |
| Prostata Sinnesorgane | | | | | |
| arimesordane | 0.0000 | | | | |
| | | | | , | -0 |
| | | STRAHIERTE BIE | BLIOTHEKEN | : | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n Eierstock t | | | | | |
| Endokrines Gewebe | | | | 9 | 55 |
| Foetal | | | | • | - |
| Gastrointestinal | | | | | |
| Haematopoetisch | | | | | |
| Haut-Muskel | | | | | |
| | 0.0000 | | | • | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | | | |
| | 0.0010 | | | | |
| Prostata | | | | | |
| Sinnesorgane | | | | | |
| Uterus_n | U.0042 | | | ϵ | 55 |
| | | | | | |

2.2 Fisher-Test

gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine unterschieden werden. Falls die Mull-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S Die Mull-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht dardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt. oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Stan-Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Mormal-Gewebe signifikant häufger

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

- Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:
- Ermittlung aller zu 5 homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit
- 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Sta-
- 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.
- quenzen C; (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if Ho Exit; Abbruchkritewird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese lteration wird mit det jeweils ethaltenen Konsensus-Seweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Ab-Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot
- 30 komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammen-Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine
- Blasennormalgewebe gefunden werden. Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Mukleinsäure-Sequenzen aus
- telten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermit-Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Mukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der

ςς

- der vorliegenden Erfindung.
- - hang gebracht werden kann.
- rium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).
- - den R. (1995), Wucleic Acids Research 23 4992-4999) (Config-Bildung).
 - 07
 - - Hilfe von BLAST.
 - 51

 - Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

- 09
- 59

| Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF) Homolog | Sednenz | Wahrscheinlichkeit für | | | | Identisch mi | Identisch mit /Homolog zu | Länge des | Länge der | Chromosomale |
|--|----------|------------------------|----|-----------------|---------------|-----------------|---------------------------|-----------|---------------------|--------------|
| Turnogravebor manual | -; | eine spezifische | | | | | | Ausgangs- | angemeldeten | Lokalisation |
| 1722 1722 1722 1722 1723 1722 1724 1725 | | Tumorgewebe % | | | | | | Basen | Sequenz in Basen | |
| 100 Human zinc finger trenscription factor hEZF (EZF) Homology 255 1187 99.38 Human mRNA for prosphatidic acid prosphatiases 24 211 411 99.38 Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ) 229 1964 99.95 Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ) 233 1702 99.56 Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ) 239 1964 99.57 Human mRNA for putative progesterone briding protein 219 1302 99.58 Human mRNA for putative progesterone briding protein 219 1302 99.57 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.58 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.59 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.50 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.51 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.52 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.53 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.54 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.55 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1573 99.54 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1572 99.55 Human skeletal muscle (LM-protein SLIM1 210 1572 99.54 Human small nuclear date briding protein 94 1610 99.54 Human small nuclear date briding protein 246 350 99.54 Human small nuclear date briding protein 246 350 99.55 Human small nuclear mRNA for telektin Homolog 360 99.54 Human small nuclear mRNA for telektin Homolog 360 99.54 Human small nuclear mRNA for meaning steletal 246 350 99.55 Human small nuclear mRNA for meaning steletal 246 350 99.55 Human small nuclear mRNA for meaning steletal 246 350 99.55 Human small nuclear mRNA for meaning steletal 246 350 99.56 Human small nuclear mRNA for meaning steletal 246 350 99.57 Human small nuclear mRNA for meaning steletal 246 350 99.56 Human small nuclear mRNA for meanin | - | 99.65 | | | | Ï | sapiens rap1b | 193 | 1722 | |
| 99.42 Horno saplens mRNA for phosphalates 2a 221 1478 99.42 Hisaplens mRNA for Gincelen-coupled ceceptor Edg-2 211 411 99.93 Hisaplens mRNA for Gincelen-coupled ceceptor Edg-2 201 411 99.83 Human monocytic leukamina 2nic ffiger protein (MOZ) 209 1964 99.85 Human monocytic leukamina 2nic ffiger protein (MOZ) 209 1702 99.85 Human monocytic leukamina 2nic ffiger protein (MOZ) 209 1702 99.85 Human mRNA for RNA halicase (HRH1) 230 2067 99.85 Human mRNA for RNA halicase (HRH1) 230 2067 99.85 Human mRNA for putative progesterone binding protein 211 1254 99.85 Human mRNA for putative progesterone binding protein 218 224 99.85 Human skelets muscle LIM-protein CIP-36 247 1593 99.85 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 276 675 99.86 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.86 Rat growth and transformation-dependent mRNA 246 575 99.86 Rat growth and transformation-dependent mRNA 246 575 99.86 Rat growth and transformation-dependent mRNA 246 292 99.86 Rat growth and transformation-dependent mRNA 246 247 99.86 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 246 575 99.87 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 246 575 99.86 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 246 575 99.87 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 246 575 99.87 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 246 575 99.88 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 246 247 99.87 Human small nucle | 2 | 100 | | zinc finger tra | anscription f | actor hEZF (L | EZF) Homolog | 235 | 1187 | |
| 99.98 | က | 99.42 | | saplens mRN | A for phospit | natidic acid pr | hosphatase 2a | 221 | 1478 | |
| 97.54 Homo saplens secreted apoptols retailed protein 252 3181 | 4 | 96.98 | | saplens mRN | A for G prot | ein-coupled r | eceptor Edg-2 | 211 | 411 | |
| 99.33 Homo saplens secreted apoptosis related protein 252 3151 1702 99.55 Human monocytic teukaemia 210 fringer protein (MOZ) 209 1964 1702 99.61 99.61 Human monocytic teukaemia 210 fringer protein (MOZ) 209 1702 17 | 2 | 97.54 | | | H.sapiens | mRNA for ar | minopeptidase | 167 | 1775 | |
| 99.65 Human monocytle leu/kaemia zinc finger protein (MOZ) 209 1964 1702 1 | 9 | 99.93 | | Homo sap | lens secrete | d apoptosis | related protein | 252 | 3181 | |
| 99.61 Homo Saplens anglotensin II receptor 233 1702 99.2 Human mRNA for RNA helicase (HRH1) 230 2067 96.57 Human Heb2 Protein Homolog 96.09 H.seplens mRNA for putative progesterone binding protein 211 1254 96.09 Human skeletal musclet LIM1 236 23.68 99.74 Human skeletal musclet LIM2 247 1593 99.75 Human calcular protein CLP-36 247 1593 99.74 Human calcular protein CLP-36 172 25.68 99.75 Human calcular mRNA 216 1722 99.74 Human calcular mRNA 216 1722 99.75 Human musclet Class 26 16.48 96.56 Homo saplens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) 226 16.48 96.56 Homo saplens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) 226 16.48 96.56 Homo saplens manal musclet riboundeoprotein (U1-70K) 206 16.48 96.56 Homo saplens manal musclet riboundeoprotein (U1-70K) 206 16.48 99.03 Human small nuclear riboundeoprotein (U1-70K) 206 16.75 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 2927 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 248 249 99.01 Comyklss mRNA for talokin homolog 249 249 99.02 Anabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | 7 | 99.82 | | uman monocy | tic leukaem | la zinc finger | protein (MOZ) | 209 | 1964 | |
| 99.2 Human mRNA for RNA helicase (HRH1) 230 2067 96.09 H.saplens mRNA for putative progesterone binding protein 216 1302 96.09 H.saplens mRNA for putative progesterone binding protein 216 1302 98.37 Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 210 1673 99.36 Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 210 1673 99.37 Human calmodulin-I (CALM1) 210 2520 99.39 Homo saplens phosphogluconntrase-related protein (PGMRP) 226 1102 99.30 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 1675 99.03 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 1675 99.04 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 176 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA for 327 177 100 Spormbe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA for 327 177 100 Spormbe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.85 Plasmodlum faiciparum DNA from config 4-67 249 1796 99.85 Plasmodlum faiciparum DNA from config 4-67 215 215 | æ | 99.61 | | | Homo Sap | lens angioter | usin II receptor | 233 | 1702 | |
| 96.57 Human Hep27 protein Homolog 219 1302 96.09 H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein 211 1254 98.39 Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 210 1673 99.38 Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 210 1673 99.74 Human LIM domain protein SLIM1 210 2520 99.59 Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein PGMRP 216 1722 96.36 Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein PGMRP 206 1102 99.50 Human small nuclear ribourdeoprotein (U1-70K) 275 675 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 746 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 746 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 746 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 743 99.51 Rapiens mRNA for myosin heavy chain 249 1746 99.52 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.59 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.51 Rapiens mRNA for myosin heavy chain 249 1796 99.52 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.51 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.52 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 157 1796 99.50 Rat growth and transformation-dependent mRNA 1796 99.50 Rat growth and 1796 99.50 Rat growth and 1796 99.50 Rat growth and 1797 99.50 Rat growth and 1797 99.50 Rat growth and 1797 99.50 Ra | 6 | 99.2 | | T | uman mRN | A for RNA he | licase (HRH1) | 230 | 2067 | |
| 96.09 H.saplens mRNA for putative progesterone binding protein 211 1254 98.39 98.39 | 0 | 96.57 | | | Hum | an Hep27 pro | otein Homolog | 219 | 1302 | |
| 98.99 98.99 98.77 Human skeletal muscle LIM-protein CB.1M1 99.77 Human LIM domain protein CB.2M1 99.85 99.88 99.89 99.80 99.74 Human calmodulin-I (CALM1) 99.74 Human mRNA for alpha-actinin 99.75 Human mRNA for alpha-actinin 99.76 Human small nuclear riboniceoprotein (U-70K) 99.99 99.03 Human small nuclear claid protein Pack 99.64 Human small nuclear claid protein Pack 99.65 99.99 99.03 Rat growth and transformation-dependent mRNA 100 C. mykiss mRNA for relokin Homolog 99.82 99.82 99.82 99.82 99.83 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 99.83 99.83 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 99.83 99.61 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 99.75 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 97.75 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 97.75 98.75 99 | = | 60:96 | | iens mRNA fo | r putative pi | rogesterone t | binding protein | 211 | 1254 | |
| 99.77 Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 210 1673 99.86 Human LIM domain protein CLP-36 247 1593 99.87 Human LIM domain protein CLP-36 247 1593 99.74 Human calmodulin-i (CALM1) 210 2520 99.74 Human calmodulin-i (CALM1) 210 2520 96.3 Human mRNA for abha-actinin 34 1610 99.03 Human mucleic acid binding protein 360 1648 99.03 Human small nuclear ribonucleoprotein (U-70K) 275 675 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 77 746 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 77 746 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 77 746 99.07 Comykiss mRNA for myosin heavy chain 246 575 99.07 99.08 PRO Comykiss mRNA for myosin heavy chain 248 249 249 99.09 PRO Comykiss mRNA for myosin heavy chain 253 1667 99.05 100 00000000000000000000000000000000 | 12 | 98.99 | | | | | Leaplens rhoB | 236 | 2548 | |
| 99.86 Human LIM domain protein CLP-36 247 1593 99.74 Human TRPM-2 124 572 99.74 Human TRPM-2 126 1722 99.74 Hasplens dermaloportin mRNA 216 1722 96.56 Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) 226 1648 96.3 Human mRNA for alpha-actinin 206 1102 95.74 Human mRNA for alpha-actinin 206 1102 99.09 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.09 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 775 99.04 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 775 99.04 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 775 99.05 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 775 99.04 Comyklss mRNA for myosin heavy chalin 248 2927 99.85 Unbekannt 249 227 99.85 Plasmodium falciparum DNA from config 467 249 99.05 Plasmodium falciparum DNA from config 487 249 99.05 Plasmodium falciparum DNA from config 487 249 97.54 Arabidopsis fhallana chromosome 1 BAC F1707 215 | 13 | 77.66 | | Ţ | nan skeletal | muscle LIM- | protein SLIM1 | 210 | 1673 | |
| Human TRPM-2 124 572 99.36 | 4 | 99'82 | | | Human | -IM domain p | protein CLP-36 | 247 | 1593 | |
| 99.74 Human calmodulin-I (CALM1) 210 2520 99.74 Human calmodulin-I (CALM1) 210 2520 99.25 Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMPP) 226 1772 96.3 Plannan middle acidin (PGMPP) 226 1102 99.03 Human mucleic acid binding protein 304 1108 99.64 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.09 Haspiens mRNA for alpha-acidinh 217 217 99.61 Rati growth and fransformation-dependent mRNA 152 746 99.61 Sipombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.821 Sipombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.61 Chinykiss mRNA for myosin heavy chain 245 2927 99.63 Plasmodium falciparum DNA from conlig 4-67 249 1246 99.03 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 99.03 Plasmodium falciparum DNA from conlig 4-67 249 249 99.03 Plasmodium falciparum DNA from conlig 4-67 215 99.04 Plasmodium falciparum DNA from conlig 4-67 215 99.05 Plasmodium falciparum PNA from PNA from PNA from PNA from P | 15 | 86.66 | | | | ゴ | uman TRPM-2 | 124 | 572 | |
| 99.2 H.saplens dermatopontin mRNA 216 1722 96.36 Homo saplens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) 226 1648 96.3 Human mucle mRNA for alpha-actinh 206 1102 99.03 Human small nuclear dermatoportein (U1-70K) 275 675 99.09 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.01 H.saplens mRNA for telokin Homolog 350 350 H.saplens mRNA for telokin Homolog 350 350 99.61 H.saplens mRNA for telokin Homolog 350 350 99.61 H.saplens mRNA for telokin Homolog 350 350 99.61 Spombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.82 O. myklss mRNA for myosin heavy chain 245 2927 99.63 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 99.03 Arabidopsis thallana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | 9 | 99.74 | | | 로 | ıman calmodı | ulin-I (CALM1) | 210 | 2520 | |
| 96.56 Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) 226 1648 96.3 Human mRNA for alpha-actinin 206 1102 95.44 Human mRNA for alpha-actinin 206 1102 99.03 Human nuclear rispondel cold binding protein 206 1108 99.39 Human small nuclear rispondelooprotein (U1-70K) 275 675 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.07 Sipombe chromosome I cosmid c186 248 350 99.94 O.mykiss mRNA for myosin heavy chain 246 575 99.85 Innbekannt 245 2927 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 215 | 121 | 99.2 | | | H.sar | siens dermate | opontin mRNA | 216 | 1722 | |
| 96.3 Human mRNA for alpha-actinin 206 1102 95.44 Human nucleic acid binding protein 94 1610 95.43 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.03 Hsapiens mRNA for telokin Homolog 350 675 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.07 Albanote chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.04 Sipombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 98.21 O.mykiss mRNA for myosin heavy chain 246 575 99.82 Unbekannt 245 249 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 99.03 Arabidopsis thallana chromosome 1 BAC F1707 215 | 8 | 96.56 | | piens phospho | oglucomutas | se-related pro | tein (PGMRP) | 226 | 1648 | |
| 95.44 Human nucleic acid binding protein 94 1610 99.03 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.09 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.61 Sipombe chromosome I cosmid Capacidation and pean mean measurement may chalm 247 217 100 O.myklss mRNA for myosin heavy chalm 246 575 99.85 Unbekannt 245 2927 99.85 Unbekannt 245 2927 99.85 Inbekannt 245 249 99.87 Unbekannt 245 249 99.87 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 249 99.03 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | 6 | 6.96 | | | Hun | nan mRNA fo | ir alpha-actinin | 206 | 1102 | |
| 99.03 Hi, saplens mRNA for GAS-3 304 1108 1108 99.03 97.54 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 675 99.99 Rat growth and transformation-dependent mRNA 217 217 217 217 217 217 218 39.04 Sipombe chromosome I common 239 1796 39.04 1796 298.21 298.21 298.21 298.21 298.21 299.85 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 299.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 275 215 275 | o. | 95.44 | | | Human | nucleic acid t | binding protein | 94 | 1610 | |
| 97.54 Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) 275 675 99.99 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.01 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 99.02 Sipombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.94 O.mykiss mRNA for myosin heavy chain 246 575 99.61 unbekannt 245 2927 99.62 plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 99.03 Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 99.03 Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 | - | 99.03 | | | | 1;saplens mR | RNA for GAS-3 | 304 | 1108 | |
| 99.99 H.sapiens mRNA for telokin Homolog 350 350 99.06 Rat growth and fransformation-dependent mRNA 152 746 99.06 Spombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 100 Spombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.01 O.mykiss mRNA for myosin heavy chain 245 2927 99.05 Unbekannt 245 2927 99.05 Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 99.03 Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 97.54 BAC 25 27 246 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 | 2 | 97.54 | | Human sn | nall nuclear | ribonucleopre | otein (U1-70K) | 275 | 675 | |
| 99.06 Rat growth and transformation-dependent mRNA 152 746 | 65 | 66.66 | | | H.sapiens | mRNA for te | lokin Homolog | 350 | 350 | |
| 99.61 Sipombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 | 4 | 90.06 | | Rat growth | n and transf | ormation-dep | endent mRNA | 152 | 746 | |
| 100 Sipombe chromosome I cosmid c18G6 248 392 99.94 unbekannt 239 1796 100 O.mykiss mRNA for myosin heavy chaln 246 575 98.21 unbekannt 245 2927 99.63 unbekannt 253 743 99.61 unbekannt 253 743 99.03 Piasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | 52 | 99.61 | | | | | unbekannt | 217 | 217 | |
| 99.94 unbekannt 239 1796 100 O.mykiss mRNA for myosin heavy chain 246 575 98.21 unbekannt 245 2927 99.82 unbekannt 253 743 98.22 unbekannt 253 743 98.22 unbekannt 249 249 99.03 Piasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | 56 | 100 | | | S;pombe ch | romosome L | cosmid c18G6 | 248 | 392 | |
| 100 O.mykiss mRNA for myosin heavy chaln 246 575 98.21 unbekannt 245 2927 99.85 unbekannt 233 743 99.61 unbekannt 253 743 98.22 unbekannt 249 249 99.03 Piasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | 72 | 99.94 | | | | | unbekannt | 239 | 1796 | |
| 98.21 unbekannt 245 2927 99.85 unbekannt 233 743 99.61 unbekannt 253 743 98.22 unbekannt 249 249 99.03 Pilasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 249 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 97.54 57 57 57 57 | 28 | 100 | | | '.mykiss mR | NA for myosi | in heavy chain | 246 | 275 | |
| 99.85 unbekannt 233 743 99.61 unbekannt 253 1667 99.61 unbekannt 249 249 98.22 unbekannt 249 249 99.03 Piasmodium falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 97.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 97.54 07 27 27 27 | 62 | 98.21 | | | | | unbekannt | 245 | 2927 | |
| 99.61 unbekannt 253 1667 99.03 Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 99.03 Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 99.03 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 216 217 218 219 219 210 210 211 211 211 212 213 214 215 215 215 216 217 218 218 219 210 210 210 211 211 212 213 214 215 215 215 216 217 218 218 219 210 210 210 210 210 210 211 211 212 213 214 215 215 216 217 218 218 219 210 | log 0 | 99.85 | | | | | unbekannt | 233 | 743 | |
| 98.22 unbekannt 249 249 249 249 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 99.03 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 00 00 00 00 00 00 00 00 00 00 00 00 00 | 둤 | 99.61 | | | | | unbekannt | 253 | 1667 | |
| 99.03 Plasmodlum falciparum DNA from contig 4-67 249 1246 1246 27.54 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 215 | SZ. | 98.22 | | | | | unbekannt | 249 | 249 | |
| 215 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 215 21 | 33 | 60.03 | | Plasmo | odium falcipa | arum DNA fro | om contig 4-67 | 249 | 1246 | |
| 10 15 20 25 30 35 40 45 | 4 | 97.54 | | Arabidops | is thaliana c | chromosome | 1 BAC F1707 | 215 | 215 | |
| 10 15 20 25 30 40 45 | | | | | | | | | | |
| | | | 45 | 40 | 35 | 30 | 25 | 20 | | 5 |

| | 226 | 2 | 226 | unbekannt | | | | 99.99 | 67 | |
|--------------|------------|--------------|------------|--|--|----------------|------------------|------------------------|------------|---------|
| | 241 | 2. | 241 | unbekannt | | | | 98.22 | 6 | |
| | 806 | œ | 216 | Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog | oss link repair | cision and cro | Homo sapiens ex | 99.03 | | |
| | 226 | 2 | 226 | unbekannt | | | | 97.54 | 2 | |
| | 116 | 11 | 244 | Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780 | chromosome | es cerevisiae | Saccharomy | 99.06 | 8 | |
| | 681 | 6 | 205 | unbekannt | | | | 97.54 | 62 | |
| | 726 | 7. | 94 | Caenorhabditis elegans cosmid T09A5 | habditis elega | Caenor | | 97.54 | 31 | |
| | 389 | 120 | 219 | unbekannt | | | | 97.54 | 60 | |
| | 52 | 7 | 217 | Caenorhabditis elegans cosmid K07A12 | abditis elegan | Caenorh | | 99.85 | 59 | |
| | 268 | 2 | 218 | unbekannt | | | | 98.22 | 58 | |
| | 1354 | 13 | 225 | Caenorhabditis elegans cosmid D2021 | habditis elega | Caenor | | 97.54 | 57 | |
| | 851 | 60 | 149 | unbekannt | | | | 97.54 | 56 | |
| | | | | Homolog | | | | 00.0 | | |
| | 560 | 5 | 270 | Homo saniens mRNA for Cdc42-Interacting protein 4 (CIP4) | c42-interacting | mRNA for Cd | Homo sapiens | 99.61 | 55 5 | |
| | 689 | 6 | 204 | Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1) | us Hsp70-rela | Mus muscul | | 99.03 | <u>1</u> 2 | |
| | 611 | 6 | 234 | unbekannt | | | | 99.03 | 23 | |
| | 226 | 2 | 211 | Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2) | -protein linked | ies putative G | Ovis ar | 99.94 | 52 | |
| | 1340 | 13 | 221 | Human (c-myb) Homolog | Human | | | 97.54 | 51 | |
| | 231 | 2 | 223 | unbekannt | | | | 97.54 | 50 | |
| | 750 | 7. | 281 | Drosophila melanogaster Dfz2 | Drosophila m | | | 97.54 | 49 | |
| | 1229 | 12 | 229 | unbekannt | | | | 99.85 | 48 | |
| | 228 | 2 | 228 | unbekannt | | | | 99.85 | 47 | , |
| | 240 | 2 | 208 | unbekannt | | | | 97.54 | 46 | , |
| | 669 | ō | 217 | unbekannt | | | | 99.99 | 45 | |
| | 231 | 2 | 220 | unbekannt | | | | 99.03 | 44 | |
| | 934 | 9 | 307 | rotein Etr-3 (etr-3) | Xenopus laevis RNA binding protein | iopus laevis F | Xer | 97.54 | 43 | |
| - | 238 | 2 | 238 | unbekannt | | | | 97.54 | 42 | |
| | 179 | _ | 179 | unbekannt | | | | 98.22 | 41 | |
| | 882 | g | 227 | d-like DNA (IR-B) | P;falciparum complete gene map of plastid-like DNA | omplete gene | P;falciparum c | 97.54 | 40 | |
| | 294 | 2 | 186 | C.sativus mRNA for lipoxygenase | sativus mRNA | C. | | 99.03 | 39 | |
| | 1931 | 19 | 188 | Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c | ic dynein inter | cus cytoplasm | Rattus norvegion | 96.57 | 38 | |
| | 1839 | 18 | 196 | G.gallus mRNA for RING zinc finger | llus mRNA for | G.ga | | 97.54 | 37 | |
| | 314 | ú | 140 | Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2) | ın dimerization | norvegicus ju | Rattus | 99.03 | 6 | |
| | 734 | 7, | 221 | Caenorhabditis elegans cosmid F09E5 | habditis elega | Caenor | | 97.54 | 35 | |
| | g B | Basen | Basen | | | | | Tumorgewebe % | | |
| | <u>5</u> | | EST in | | | | | Expression im | | |
| Lokalisation | <u>g</u> ? | angemeldeten | Ausgangs- | 1 | | | | eine spezifische | | ID No.: |
| Chromosomale | P | i anne der | l änne des | Identisch mit /Homolog zu | Identisch | | | Wahrscheinlichkeit für | 7 | Secuenz |
| S | 10 | 51 | 70 | 57 | 30 | SE | St 0t | os | SS | 09 |

| Länge der Chromosomale gemeldeten Lokalisation Sequenz in Basen | 151 | 2042 | 147 | 143 | 2980 | 227 | 246 | 773 | 293 | 870 | 237 | 439 | 2483 s. Spalte Identisch mit | 202 | 353 | 1039 | 270 | 330 | 235 | 189 | 866 | 224 | 846 s. Spalte Identisch mit // // // // // // // // // // // // // | 223 s. Spalte Identisch mit /Homolog zu | 1374 | 761 s. Spalte Identisch mit | | 1825 | 1374 s. Spalte Identisch mit /Homolog zu | 2615 | 1 |
|---|---|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|--------------------------|-----------|-------------------------------------|--|-----------|--|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|--|-----------|--|-----------|--|---|--|--|-------|-----------|--|-------------------------------------|----------|
| Länge des Länge der Ausgangs- angemeldeten EST in Sequenz in Basen Basen | | 226 | 147 | 143 | 219 | 227 | 246 | 222 | 293 | 215 | 237 | 439 | 219 | 200 | 220 | 223 | 214 | 330 | 235 | 189 | 168 | 224 | 231 | 221 | 204 | 224 | | 225 | 240 | 194 | 15 |
| | ne, g+c rich intron | unbekannt | unbekannt | unbekannt | unbekannt | unbekannt | unbekannt | Rat mRNA for V-1 protein | unbekannt | is cosmid F13G3 | enes U, S, and V | unbekannt | 12 from 7q21-q22 | unbekannt | unbekannt | unbekannt | unbekannt | unbekannt | protein EZF (Zie) | unbekannt | intron 1 Homolog | unbekannt | CIT987SK-815A9 | osmid cSRL16b6 | entiation primary response gene | one CIT987SK-A- | 575C2 | unbekannt | mosome 16p13.3 | s cosmid T15B7 | 25 |
| Identisch | Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron | | | | | | | RatmRN | | Caenorhabditis elegans cosmid F13G3 | A.vinelandli nitrogen fixation genes U, S, and V | | Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22 | | | | | | Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie) | | RNA within the p53 | | ome 16 BAC clone (| Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6 | 118, a myelold differ | e +16p11.2 BAC clc | | | on trap b207) chror | Caenorhabditis elegans cosmid T15B7 | 30 35 |
| | Chicken pro-alp | | | | | | | | | ပိ | A.vineland | | Human B | | | | | | Mouse | | Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog | | Homo sapiens chromosome 16 BAC done CIT987SK-815A9 | Human | Mouse mRNA for MyD118, a myelold differentiation primary response gene | Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A- | | | Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3 | ඊ | 40 |
| 7 E C 20 | 3 | | | _ | / | ŧ | 3 | - | | 9 | + | 3 | | | 6 | 2 | <u></u> | | | | | | | | | | | | | 3 | 45 |
| Wahrscheinlichkeit für elne spezifische Expression im Tumorgewebe % | 99.03 | 100 | 99.61 | 99.61 | 99.97 | 75.76 | 99.03 | 97.54 | 100 | 90.06 | 97.54 | 99.98 | 29.97 | 97.54 | 66'66 | 3.66 | 99.03 | 97.54 | 96.57 | 97.54 | 97.24 | 97.54 | 99.94 | 97.54 | 98.21 | 99.61 | | 60.96 | 99.85 | 99.03 | 50 |
| Sequenz ID No.: | 89 | 69 | 70 | 71 | 72 | 73 | 74 | 22 | 92 | 22 | 78 | 79 | 80 | 81 | 82 | 83 | 8 | 85 | 98 | 87 | 88 | 68 | 06 | 91 | 92 | 93 | | 94 | 92 | 96 | 60 |

DE 188 18 620 V I

| 231 212 212 255 151 252 210 209 220 220 297 303 243 253 301 303 282 303 303 282 303 | unbekannt |
|---|---|
| | unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel Wouse hexamer repeat sequence (s7) homologo Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologo Drosophila 'period' unbel Unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Unbel Rattus norvegicus AK Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory p of unbel Bos taurus supe Bos taurus supe |
| | unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologo Drosophila 'period' unbel unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Unbel Unbel Rattus norvegicus AK Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory p of unbel Bos taurus supe |
| | unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologo Drosophila 'period' unbel unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Unbel Unbel Unbel Unbel Rattus norvegicus AK Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory potentiated inhibitory potentiated inhibitory suppe |
| | unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel unbel Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologo Drosophila 'period' unbel unbel unbel unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Caenorhabditis elegans cosmid R unbel Unbel Unbel Unbel Of Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory p |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene unbekannt unbekannt Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 unbekannt Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 unbekannt Rattus norvegicus AKAP95 Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1 |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene unbekannt unbekannt Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 unbekannt unbekannt Rattus norvegicus AKAP95 |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene unbekannt unbekannt Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 unbekannt unbekannt unbekannt |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Wouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophlla 'period' gene unbekannt unbekannt Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 unbekannt |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene unbekannt unbekannt unbekannt Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene unbekannt unbekannt unbekannt |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophlla 'period' gene unbekannt |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene unbekannt |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene |
| | unbekannt unbekannt unbekannt unbekannt |
| | unbekannt unbekannt unbekannt |
| | unbekannt unbekannt |
| | unbekannt |
| 201 | |
| | Homo sapiens UNA from chromosome 19-cosmid F25965 |
| | unbekannt |
| | unbekannt |
| | Genomic sequence from Human 13 |
| | unbekannt |
| | unbekannt |
| | unbekannt |
| | unbekannt |
| | Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1) |
| | unbekannt |
| | Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein |
| | Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33 |
| | Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit |
| Ausgangs- angemeideren EST in Sequenz in Basen Basen | |
| Länge des | ldentisch mit /Homolog zu |
| 12 M N N N N N N N N N N N N N N N N N N | Länge des Ausgangs- angemeideten EST in Sequenz in Basen 233 508 197 1218 125 1303 211 2333 211 2333 211 2333 315 223 3355 249 1339 2355 204 3751 220 300 210 1465 216 1488 |

TABELLE II

| DNA-Sequenzen | Peptid-Sequenzen (ORF's) |
|---------------|--------------------------|
| S q. ID. No. | Seq. ID. No. |
| . 24 | 128 |
| | 129 |
| 3 | 130 |
| 25 | 131 |
| | 132 |
| | 133 |
| 26 | 134 |
| | 135 |
| | 136 |
| 27 | 137 |
| | 138 |
| | 139 |
| 28 | 140 |
| | 141 |
| | 142 |
| 29 | 143 |
| 30 | 144 |
| | 145 |
| | 146 |
| | 147 |
| | 148 |
| 31 | 149 |
| · | 150 |
| | 151 |
| | 152 |
| 32 | 153 |
| | 154 |
| | 155 |
| 33 | 156 |
| | 157 |
| 34 | 158 |
| | 159 |
| | 160 |
| 35 | 161 |

| 761 | 67 | |
|------------------------|--------------|------|
| 961 | | 09 |
| 261 | | |
| 461 | 87 | |
| 193 | | SS |
| 192 | | |
| 191 | LÞ | |
| 061 | | |
| 681 | | " |
| 881 | 97 | |
| 781 | | |
| 186 | | SÞ |
| 185 | 97 | |
| 184 | | |
| 183 | | 01⁄2 |
| - 182 | ÞÞ | |
| 181 | 43 | |
| 180 | | 35 |
| 621 | | |
| 178 | Sp | |
| 111 | | 30 |
| 921 | | |
| 921 | l þ | |
| ÞZL | | 72 |
| 173 | | |
| 172 | 0Þ | |
| 121 | | 07 |
| 021 | | |
| 691 | 68 | |
| 891 | 38 | |
| 291 | 4 E | |
| 991 | | |
| 165 | | |
| 164 | 36 | 01 |
| 163 | | |
| 162 | 32 | |
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. | s |
| Peptid-Sequenzen (ORF) | | 1 |

| DNA-Sequenzen | Peptid-Sequenzen (ORF's) | |
|---------------|--------------------------|--|
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. | |
| 49 | 198 | |
| | 199 | |
| . 50 | 200 | |
| | 201 | |
| | 202 | |
| 51 | 203 | |
| | 204 | |
| | 205 | |
| 52 | 206 | |
| | 207 | |
| | 208 | |
| 53 | 209 | |
| 54 | 210 | |
| 55 | 211 | |
| 56 | 212 | |
| | 213 | |
| | 214 | |
| 57 | 215 | |
| 58 | 216 | |
| | 217 | |
| | 218 | |
| 59 | 219 | |
| 60 | 220 | |
| | 221 | |
| | 222 | |
| | 223 | |
| 61 | 224 | |
| | 225 | |
| 62 | 226 | |
| · | . 227 | |
| | 228 | |
| 63 | 229 | |
| 64 | 230 | |
| · | 231 | |
| | 232 | |
| 65 | 233 | |

DE 188 18 620 V I

| 597 | | |
|----------------------|---------------------------------------|-------------|
| 268 | 08 | |
| . 267 | 62 | |
| 592 | | |
| 592 | 82 | |
| 264 | 22 | , |
| 763 | · | |
| 762 | | |
| 261 | 94 | , |
| 260 | 9,4 | |
| 526 | | |
| 528 | | <u>-</u> |
| 752 | 7/ | |
| | | |
| | | |
| 797 | 73 | ° |
| Z23 | | |
| 727 | | |
| 251 | 27 | s |
| 720 | | |
| 575 575 | | |
| 248 | 12 | o |
| | 74 | |
| 745 | | |
| 546 | | s |
| 545 | 02 | |
| 544 | | |
| 243 | 69 | 0 |
| 242 | | |
| 241 | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
| 540 | 89 | |
| 239 | | s |
| 238 | | |
| 752 | L 9 | |
| 536 | | · ° |
| 532 | | |
| 234 | 99 | |
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. | s |
| Peptid-Sequenzen (OF | naznaupa2-ANQ | 1 |

| DNA-Sequenzen | Peptid-Sequenzen (ORF's) |
|---------------|--------------------------|
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. |
| 80 | 270 |
| 81 | 271 |
| · | 272 |
| | 273 |
| 82 | 274 |
| | 275 |
| | 276 |
| 83 | 277 |
| | 278 |
| | 279 |
| 84 | 280 |
| | 281 |
| | 282 |
| 85 | 283 |
| | 284 |
| | 285 |
| 86 | 286 |
| | 287 |
| | 288 |
| 87 | 289 |
| | 290 |
| | 291 |
| 88 | 292 |
| | 293 |
| | 294 |
| 89 | 295 |
| | 296 |
| | 297 |
| 90 | 298 |
| | 299 |
| | 300 |
| 91 | 301 |
| | 302 |
| | 303 |
| 92 | 304 |
| 93 | 305 |

| 341 | | |
|--------------------------|---------------|------------|
| 340 | 108 | 09 |
| <u></u> | 801 | 0, |
| 339 | | |
| 338 | | |
| 337 | 201 | SS |
| 336 | | |
| 332 | | |
| 334 | 901 | 0\$ |
| 333 | | |
| 332 | 105 | |
| 331 | | SÞ |
| 330 | | |
| 329 | 104 | |
| 328 | | 01⁄2 |
| 327 | | UV |
| 356 | 103 | |
| 352 | | |
| 324 | | 32 |
| 323 | 102 | |
| 322 | 101 | |
| 321 | | 30 |
| 350 | 001 | |
| 319 | 66 | |
| 318 | | 57 |
| 312 | | |
| 316 | 86 | |
| 315 | | 70 |
| 314 | | |
| 313 | 1 6 | |
| 312 | | |
| 311 | 96 | \$1 |
| | 90 | |
| 310 | | |
| 608 | | 01 |
| 308 | 96 - | |
| 307 | 76 | |
| 308 | | s |
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. | |
| Peptid-Sequenzen (ORF's) | nezneupe2-AVG | |

| DNA-Sequenzen | Peptid-Sequenzen (ORF's) |
|---------------|--------------------------|
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. |
| 108 | 342 |
| 109 | 343 |
| · | 344 |
| | 345 |
| 110 | 346 |
| | 347 |
| 111 | 348 |
| | 349 |
| | 350 |
| 112 | 351 |
| | 352 |
| | 353 |
| 113 | 354 |
| 114 | 355 |
| | 356 |
| | 357 |
| 115 | 358 |
| | 359 |
| | 360 |
| 116 | 361 |
| | 362 |
| | 363 |
| | 364 |
| 117 | 365 |
| | 366 |
| | 367 |
| 118 | 368 |
| | 369 |
| | 370 |
| 119 | 371 |
| | 372 |
| 120 | 373 |
| | 374 |
| 121 | 375 |
| 122 | 376 |

| 390 | | |
|-------------------------|------------------------|-------------|
| 389 | 721 | |
| 388 | 156 | |
| 387 | | |
| 386 | | |
| 382 | 126 | |
| 384 | | |
| 383 | | |
| 382 | 124 | |
| 381 | | |
| 380 | • | |
| 379 | 123 | |
| 378 | 122 | |
| Seq. ID. No. | Seq. ID. No. | |
| Peptid-Sequenzen (ORF's | nəznəupə 2-AN Q | |

die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrie-Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63 (A) MAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(C) STADT: Berlin

(F) POST CODE (ZIP): D-14195 (E) LAND: Deutschland

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

Blasennormalgewebe ος Menschliche Mukleinsäure-Sequenzen aus (ii) TITEL DER ERFINDUNG:

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS (B) COMPUTER: IBM PC compatible

(D) SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25 (EPO) 09

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

59

ςς

SÞ

01

32

| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1 | 25 |
| cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60 atttacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcat tagtttattc 120 catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180 taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tggaagatga 240 | 30 |
| aagagttgta gggaaggaac aaggtcaaaa totagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300 cttagaatct totgcaaaat caaaaataaa tgttaatgag atctttatg acctagtgcg 360 gcaaattaac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcat catgtcagct 420 gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggtc tgaagaactg ttgcccaatt 480 caacagtgcc agcattccaa ctttgttaaa cctaccaaca tottaaatgg actttcctgt 540 | 35 |
| ggtggtacce tttaagagge ggatgaaage tactatatea gtttgeacat tetaateact 600 ttecagtate acaagagaga tttttactta tataatagte etagagtttg eagetggtaa 660 aaceagagge tacateeagt attactgeta agagacatte tteateeace aatgttgtae 720 atgtatgaaa atggtgtact gtatacttta acatgeeeca tactttgtat tggagagtae 780 aataatgtaa ateetaaaag caccactatt ttageataat aaaagaaagt eeaaagaget 840 eetatataga etaeteeaga taactteget tetttgatae ttgtagetta ttgtaatttt 900 | 40 |
| ttttaagaaa ttcaaggtca ttattattgt acaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960 tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacggtg atcttgtctt taaaacatga1020 tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc tttaatatct gttgggaagg1080 aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct tttttgttt acatagggaa1140 caatgtttat agtcgtgtgt acagtgggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaca1200 | 45 |
| atttttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc1260 tcactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt1320 ttagtattt tgcctgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa1380 atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaagtaat tttaatcata tgtaattggt1440 cacaaggcct aatttgcagt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt1500 | 50 |
| atgcattaat gtttggatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta1560 aattgaccaa cctaatgtta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagcctta1620 attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgcca1680 tgcaagggct tgcattataa aaaaaaacaa aaaaaaaaaa | 55 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2: | 60 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare | |

```
(D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                        ςς
                                     (A) LANGE: 1478 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                 (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 3:
                 fffesschac tagscoftg geaggggas atotgfttt tttccg
LBII
atagcctaat gatggtgttt gtgagcttgg tcctaaaggt cccaacaagg gagccaaaggll40
agccattatt atgatgttag aagaagaga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaal080
attytytatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattotottt accttotaaal020
व्यवस्वादवर्षे व्यवस्ववस्त स्वर्ट्यत्वेवव रावव्यव्यव्यव व्यववेव्यव्यव वर्ट्ट्रिस १९०
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaaatgcca agggggtgac tggaagttgt 900
casaagacaa aaatcaaaga acagatgggg tetgggactg gatcitciat cattccaatt 840
сатууссану стоссансту ауссатстту туандага атсаудавая атуаудаатс 780
ffffactit cacactoret tecegating grandades cadecagas geactacat 720
ggcattitta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
adidocesas atgogacoga goatiticoa ggioggacoa cotogocita cacatgaaga 600
tegecegete agatgaactg accaggeact accgtaaca cacgggggae egecegttee 540
tacqaacca cacaqqtqaq aaacctacc actqtqactq qqacqqctqt qqq
ctigidatta cgcgggctgc ggcaaacct acacaagag ticccatcic aaggcacacc 420
addedcccae dccaeagad ddaagacdat cqtggccccg gaaaggacc gccaccaca 360
adecdesadt ecegecact cattacead adeteatge accequite theatgeead 300
eteccygett ceateceese ecygygees attaceate ettectygee gateagatge 240
cascocidad forfasadas didordados dosaddascid foscocidos cidocacifo 180
ddccgccddc cddcfdcgcs cdscffcccc cfddddcddc scfccccgc sddscfsccc ISO
ಂಡಿರ್ದಂಡಿತಡಿದೆ ತಡೆದಂಡಿರ್ವಿರ್ಧ ರ್ಧಂಡಿರಿದಿಂದ ಆರಂಭದಿಯಿಂದ ಆಗುತ್ತದೆಯಿಂದ ಕ್ಷಂತಾರ್ಥವಾರ್ಥ
                                                                        57
                         (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                        02
                                                     (C) ORGAN:
                                      (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                                                        SI
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                        01
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                        ς
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                 DE 198 18 620 A 1
```

(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

59

09

(!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

hergestellte partielle cDNA

| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
|---|----|
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 5 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3 | |
| gcgaacccgc gcgctgcccg gtcctgcgct gcccagcggg aggggctgga ccccgcgttc 60 ctcctccctg ccggtcccca tccttaaagc gagagtctgg acgccccgcc tgtgggagag 120 agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg ggcaggccgt gccggctgag gaggtcctga 180 | 15 |
| ggctacagag ctgccgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240 ggctgtgagg ggagggcccc gggcgccatt gctggcggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300 cccgccctcg gctgctctcc tcctccggct gggaggggcc gtagctcggg gccgtcgcca 360 gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccgccg tcccgcagct cagtccatcg 420 | 20 |
| cccttgccgg gcagcccggg cagagaccat gtttgacaag acgcggctgc cgtacgtggc 480 cctcgatgtg ctctgcgtgt tgctggctgg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540 tacccccttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtcc atcaagtacc cttacaaaga 600 agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatta cattcagta tattcgttat 660 tattcttgga gaaagggtgt gtgtttactg taaaattatt cattcagta tattcgttat 660 | 25 |
| tattettgga gaaaccetgt etgtttaetg taaccttttg cacteaaatt cetttateag 720 gaataactae atagecacta titacaaage cattggaace titttatitg gigeagetge 780 tagteagtee etgacigaca tigecaagta tieaatagge agactgegge etcactiett 840 ggatgittgt gateeagatt ggicaaaaat caactgeage gatggitaea tigaatacta 900 catatgicga gggaatgeag aaagagttaa ggaaggeagg tigeeettet atteaggeea 960 | 30 |
| ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020 gggagactgg gcaagactct tacgccccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080 ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140 actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg attcttcaa1200 agaaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcatgaaac1260 | 35 |
| accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgccc1320 aggtgaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcatc1380 tttcttcctg ggtgtacaag cccttttaaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgga1440 atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 411 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure | 45 |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 55 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 60 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 00 |
| | 65 |

```
дровововая видиварнов видания ставаствов втосстинг садаттиват ви
seaccegaac agggtaggt ttgttttt gottttgt ttttttggc caagggtog 840
_{100} perendered adageded addrigated addrigateres adagedeses _{100}
ataatytata teaytitete ttatttaaty tyyetatyaa ayatyttee ttattattie 720
totatigict cacctatata aatticaggg ticttataag teatettaa aaagaaaaa 660
ctaagaccat tittagcaga ataactect cagaaagge tggctgaaga tettitatt 600
{\it ccdddsdsed} ccsdfdffds factdffdfg asgagdffca agagcfdgc fffcagacaa {\it 240}
accactaaty tattaayocc tycaycatt accactyact totoycacyc ataaaatyaa 480
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgtttt taaaccagtt 420
dddaerdada rrradarrra aaacroarig garraaatag grgaggorra reagtaggar 360
tyliaataac acaaaatati tilliaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
geagecteac aatetgatga cettetgaaa taeegttaag ceacaecaaa tatgaatte 240
taacgccaac tgtttttta tatttttt aaaacaatag cacaaaatg tttcaaggaa 180
                                                                        Oς
tottatosaa gaaagagaat aaagtgttt tittiticag titoacatig acattitat 120
assatoctat gatagtataa ctitgcataa goctactgaa tgataggaa gtititagti 60
                        (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                    :NA5ЯO (С)
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                    (vi) HERKUNFT:
                                                                        32
                                              (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                        Oε
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                        57
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                     (A) LANGE: 1775 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                        07
                                 (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:
             cacadecaty aatgaaccae aytgeteeta caacgagtee attgeettet t
 cososdador drostddord costorors recostocor drastfrosc sdcccosdff360
 ctdatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
 acttotoagg actgacacot acagoatoag gtacacagot totoctagoa tgacttogat240
 recodecated addradaecar craarrard assercees recaectate rassrance
                                                                        01
 addadadada caacafdasa atgccccgtg ccgggggcgc caccggagtc ctgccagctgllo^{\circ}
 αςσεστέτς σασαστέτες σασασσοσία απότετες ασασσέτετε απότασαπό 60
                         (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO:4
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
```

attatgosot gactocaact atgragatoc cogtgosaa aaaaaaaa gocactigga 960

59

| cagaaatgga caccacctt ggctttatag gctscttgca gaasccastt cacaaaaatg1090 ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtta taauaacaga acatctytca1140 ttaacagtag agtgttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag tttcacagtt1200 tcgttatgct ctattttatt actatcatat ttacattttt attttttatt tattttttgc1260 tgaattgctg atttccttt ttcaatagaa tttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320 taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380 tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440 | 5 |
|---|----|
| geggeacete aggatteaea etgtgggtgg tgaggeette egetgaagga ggtaetggtg1500 gatgetetea geateteget ttageeagge ageatteage agaatatttt cacaacactg1560 etggatggta egeteagetg aaggagetgg gtgaeteteg aagaaageet taacetetee1620 ageeattta teaactgeaa ateceteaae tgatagetge aaaacaatgg ttttaaacag1680 taagtgaaae caagaggetg agaacaaaet teeatttaee etaaaaataa ataaatataa1740 tgtegeagge ececaatata atagtagtag gggga | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6: | 13 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 3181 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel | 20 |
| (D) TOPOLOGIE: linear(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 30 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 35 |
| (C) ORGAN: (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6 | 45 |
| cgggtggggt gggagcaggg ggggacagtg ccccgggaac ccggtgggtc acacacacgc 60 actgcgcctg tcagtagtgg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattcccgc 120 tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180 gccatttaga ttaggaaggt ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240 aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa agggggattg 300 ggcggaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttggt gtggatctat 360 | 50 |
| tggctgatct atgccttca actagaaaat tctaatgatt ggcaagtcac gttgtttca 420 ggtccagagt agtttcttc tgtctgcttt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480 attaaggtca agcccagaaa gtgataagtg cagggaggaa aagtgcaagt ccattatgta 540 atagtgacag caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtcttccgt 600 gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagttc ggttcctatg 600 | 55 |
| agcccggggc atgatetgat ceccaagaca tgtggagggg cagcetgtgc etgeetttgt 720 gtcagaaaaa ggaaaccaca gtgageetga gagagaegge gatttteggg etgagaagge 780 agtagtttte aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtee 840 agcaaattge tagteaggt gaattgtgaa attgggtgaa gagettagga ttetaatete 900 atgttttte etttteacat ttttaaaaga acaatgacaa acacccaett atttteaag 960 gtttaaaac agtetacatt gagaattga aagggggggt agaacaaggt etectgatee1020 | 60 |
| gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaaggt ctcctgatcc1020 gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tccccaggca titgccaagg gaggcggatt1080 tccctggtag tgtagctgtg tggctttcct tcctgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140 | 65 |

```
tycttttca gccatytatc aatattcact tyactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
                                                                     ςę
atgittigat gitalogott atgitaatag taattooogt acgtgitoat titatitica3120
ctgtgaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgttt ttttaactgc attttaccag3060
tagtiticite otgiagiaci ectotitiag atectaagie tottacaaa getitgaata3000
tagecatict gacetatige cageagatae acaggacatg gatgaaatic ccgtttcctc2940
atotytttt otoatoagae totgagtaae tggttgotgt gteataatt catagatgoa2820
cagageteca gtttgeattt ggatgtgtaa attacagtaa teceatttee caaacetaaa2760
ascactigge tetiggiace tgigggiag catcaagite tececagggt agaaticaat2700
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
adroctygga ggrocttgg agaacteat taaatettt gagatatt gtagttatot2580
creattatog ctagggocaa ggtgggatt gtaaagottt acaataatoa ttotggatag2520
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggt ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgattc2460
adcacagage tgcactatea egageetifg tititoteea caaagtatot aacaaacea2400
catagcagot tigicicigi cacatoagoa atticagaac caaaagggag gotototgta2340
totatotosa satocosaga cottasatat cattagtiac titatigasa gittiagaco2280
ctrcadaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct asatgggaat tctcaggtag gaagcaag2160
cadesdate erratedad addrifece dasseris redresese absrecadas100
didefeatae giateigete attitgaeaa agigeeteat geaaceggge ceteteig2040
agcaagtice tgagtgegtg gatetgggte ttagtictgg ttgatteact caagagtical980
                                                                     S١
grytatat attagotaat tagaaatatt otacttotot gitgtoaac tgaaattoag1920
teategtasa gtgetgggga celtaagtga tilgeetgta attteggatg attaaaaaail860
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa caccttttt gtggggttct ctctgacctl800
agtatgaaaa teageatgee egectagtta cetaceggag agttateetg ataaattaael740
tycocota gootgacocy gaggaagga tygtagatto tyttaactot tyaagactool680
occordados serdorrers occedidada erdoracear deddorares edradococcolego
tottococca aagooggatt cttaattoto tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtol560
caactitace cttcttgtcc aatgracagg aagtagtct aaaaaaatg catattaatil500
dagatactic ccaaagccct tatgittaat cagcgatgta tataagccag ticacttagal440
ccccatccag cgagagatt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccctl380
gcactitie catatatitg ticatitet gcagatgaa agtigacatg ggtggggtgi320
ffectifgaa ettgattgee tatgateaa agaatteeg aasageetge efgteesseelle0
taacacccc tagcaaact cacagagctt tocgttttt totttcctgt aaagaacatl200
```

(S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (III) HYPOTHETISCH: NEIN
- VIEW :3SN3S-ITNA (III)

SÞ

- (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
- (vii) SONZLIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

| | gcaacatgtc | tgccaccaac | attggcattc | ctcacacgca | gagattgcaa | gggcaaatgc | 60 | |
|----|-------------------|---------------------|---------------|-------------|-------------|---------------|------|----|
| | cagtgaaggg | gcacatttcc | atccgctcca | agtctgcgcc | actgccctct | gcggctgctc | 120 | • |
| | accagcagca | gctgtatggc | cgtagcccat | cggcagttgc | catgcaggct | ggccctcgcg | 180 | |
| | cactggctgt | tcagcgtggc | atgaacatgg | gggttaatct | gatgcctact | cccgcctata | 240 | |
| | atgtcaattc | catgaatatg | aacaccttga | atgccatgaa | cagctatcga | atgacacagc | 300 | |
| | ccatgatgaa | cagcagttac | catagtaacc | ctgcctacat | gaaccagaca | gcacagtatc | 360 | 10 |
| | ctatgcagat | gcagatggga | atgatgggga | gccaggccta | tacccagcag | cctatgcagc | 420 | • |
| | | | | | | atgaacgctg | | |
| | | | | | | agatgaactt | | |
| | | | | | | aaccagagaa | | |
| | | | | | | tctttggttt | | 15 |
| | attttattt | ttagaaaacc | tgatcttctc | tttttttggg | ttcattttgt | tctgggtttt | 720 | |
| | | | | | | gatttgggga | | |
| | | | | | | tttacatacc | | |
| | acatggacag | aatttgtgta | aaagtgaatt | atctttattt | taaaatgtat | gtttcccctc | 900 | |
| | actgtttgca | gctcccaatg | ttgtcatttt | taaatgttat | atacatctca | agggttaacc | 960 | 20 |
| | | | | | | gaggcacttal | | |
| | ggggagactc | ggatggggac | atggagaaca | acccaagete | cttaaactat | taaagtgaggl | .080 | |
| | | | | | | acctcttgaa1 | | |
| | accettecee | aagaatgttt | ctttatagac | ggacttcatt | gaaatctttg | ttgttcttgal | .200 | |
| | atcaagtgta | atataatttt | tttcttcttt | tttaaaatat | tcccactcag | cactcagaga1 | .260 | 25 |
| | cacaaaaata | ctgtaagtct | caattaacag | cagaatetea | gagaaaagct | gtttgcaatc1 | .320 | |
| | | | | | | ggagattaac1 | | |
| | ctcttgtttt | tttaccacct | ggtgaatcag | ccataacgca | cacacacgcc | acccagcctc1 | 440 | |
| | ttgtttctag | tatgtacttt | gaaatgctaa | ctgagggtct | tgatgcttga | gcctttgact1 | .500 | |
| | gataaaactc | aaatagcagt | ccccagtgat | ttgcctctta | ggttctttct | taaattgttgl | .560 | 30 |
| | | | | | | aaacagtttal | | |
| | | | | | | tgtgagtttc1 | | |
| | gtagctattt: | aagtgataca | tacctctagt | ttttgtatgt | cttttgagat | cctgagttca1 | .740 | |
| | tcccctgtga | atcagagtgc | acaagcacct | ctcctgtgag | tggctaatga | gaagagggacl | .800 | |
| | agaccgacca | ccagcacagt | agggcagatc | tggacagcag | aatgttataa | cgcaagttca1 | .860 | 35 |
| | | | | | | attctcttcc1 | | |
| | tattacttgc | tccagggata | ggtaaaaaaa | aaaaaaaaa | aaaa | 1 | .964 | |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | | 40 |
| ď | 2) INFORMA | TION ÜREF | SEO ID NO |)· 8· | | | | |
| ١. | 2) II VI OI (IVI) | THOIT ODE! | COLG ID NO | <i>.</i> 0. | | | | |
| | //\ OF 0.15 | | · | | | | | |
| | | | KTERISTIK: | | | | | |
| | (A) LÂI | NGE: 1702 E | Basenpaare | | | | | 45 |
| | (B) TY | P: Nukleinsä | ure . | | | | | |
| | ` ' | RANG: einze | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | (D) 10 | POLOGIE: I | illeai | | | | | 50 |
| | | | | | | | | |
| | (ii) MOLEK | (ULTYP: aus | s einzelnen E | STs durch A | ssemblierun | g und Editien | ung | |
| | herges | stellte partiell | le cDNA | | | | | |
| | | • | | | | | | |
| | (iii) HVPOT | HETISCH: N | IEIN | | | | | 55 |
| | (111) 111701 | FIETISCH. I | MEIIN | | | | | |
| | ("") ANITI O | ENIOE NEIN | • | | | | | |
| | (III) ANTI-S | ENSE: NEIN | I | | | | | |
| | (vi) LICDIZI | INICT. | | | | | | 60 |
| | (vi) HERKU | | MENIOOLI | | | | | OU |
| | | GANISMUS | : MENSCH | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | (C) OR | GAN: | | | | | | |
| | (C) OR | GAN: | | | | | | |
| | , , | IGAN: FIGE HERKL | JNFT: | | | | | 65 |

DE 188 18 620 A I

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
occatofaat tggottttt tottoatta tggacgigoa tigttttggt tgggacaaal680
fffdccatcc acactgctcc tggctaaccc cagcaagac caacaatgg gtagggaagcl620
certectida dececesad etggaggag atgggette etetggget etettectacleo
rdffcacctg glagacagt tcttgctctg ccttctagc ttcatcccag aaatccagcc1500
drffcataag cffcttcctc tgaatcttat tgagggacta tgdtaccaag caggtaggacl440
tettecetee tytggaateg aggggaatt attetteeea ataeettgat ttgatttteal380
arderrars seacceaded desaggeet aggasecce ageseates tattatgragible attattates.
sactocttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaacccctgll60
addaaaggg aaacccacat gtgaccctga ttttggtatg gottgataga gttccctgaal200
occaactgca tgcaaagac caccatoctc agaagccaag ttgtotttta tgaagaggcall40
agetigaatg catectetee cagaacetge cacaggaaa tggggggett gtcaggtcagl080
ggattiggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggctgcagal020
cfdccdssdc fdsdscfdsc fscfdfdcsf fsddsssdsc cfddsdfcsd dscfffddfd 960
tttctcccta aaactatgt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
trectddest saattattee tggtgagae tgtggetta eteacagutt teecateage 840
                                                                      07
tigoagtago taaagotiggg gtoacticgt gaatteacea gagacteaaa gatotittat 720
cacteccect ettettecte tytagagaty caagaaatty etyteccata aaaateataa 660
cagatagaga ggitococti teaaatocoa gigoogotoi gitotoitio citococico 600
asattttcat gtotttaaat accottggt aagttgctto tgaagocagt gggggctoct 540
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaatg gtatttctgg 480
cedffcfdce ddfccfdscf cfdcededdd sededdcede sededddese cfdfcededf \sqrt{50}
acticagges tiggeatiga gicatotote aigggigada coatgaaate tigiticage 360
adaactegag accagtigge gatgacecet gaatategee accgetgtaa acactetata 300
ctectggaat cagtgggate agtaacacat caaggagtet tgtttettea teagagettt 240
                                                                      10
gototggact ggtgacgtgc caccccaact cotggtgttt ggottcctgg ctaatcttga 180
dragatat tetageteet gattgeetaa tgetaggete etgegtaeat cogtggeagg 120
ддясясссся ддгагдгдда сдадсядгге стдгоасдсе гетгесгагг гдгддсесгд 60
```

(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 9:

адагггада адададагаг ад

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (B) LÄNGE: 2067 Basenpaare (C) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

IJOS

- (!!!) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) AUTI-SENSE: NEIN

05

St

01

ς

- (vi) HERKUNFT: (C) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
- 65 (VII) SONSTIGE HERKUNFT: (VIII) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```
gccgcaggct cccggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgctatt gcaaatcacc 60
 aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt cagggaagac cacccagatc ccgcagtatc 120
 tctttgagga gggttataca aacaagggta tgaagattgc ctgcacccaa ccccggagag 180
 tggctgccat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat gggtgtgaag cttgggaatg 240
 aggttggcta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
 tgacagatgg gatgettete egggagttee tetetgagee tgacetggeg agttacageg 360
                                                                                   10
 tggtgatggt ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
 tcaaggatgt tgctcgcttc cgacctgagc tcaaggtcct ggtggcttca gccacaatgg 480
 acactgeceg tttttecace ttetttgatg acgeeeetgt gtttegaate eeeggacgea 540
 ggtttcctgt ggacatette tacaccaagg ctccagagge tgactacttg gaagettgtg 600
 tagtatetgt gttgcagate catgtgacce ageceeetgg ggatateetg gtgtteetga 660
                                                                                   15
 caqgacagqa ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgccgcctgg 720
 getecaaaat eegggagete etggtgetge ceatttatge caatetgeee tetgacatge 780
 aggecegtat ettecagece acaccacetg gggcacgaaa ggtggttgtg gcaacgaaca 840
 ttgctgagac atcactcacc attgagggca tcatttatgt gctggatcca gggttctgta 900
 agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaatcgct cactgtcaca ccctgcagca 960
                                                                                   20
 aggcctcagc caatcagcga gctggcaggg caggtcgggt ggctgcaggg aagtgcttcc1020
 gcctgtatac cgcctgggcc tatcagcacg agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
 agaggaccag cttgggcaat gtcgtgttgc tgctcaagag cttagggatc catgacctaa1140
 tqcactttga tttcctggac cctccaccat atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
 tgtatgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggt cgaaagatgg1260
                                                                                   25
 cagagetgee ggtggaceee atgetgteea aaatgatett ageetetgag aagtacaget1320
 gttcagagga gatcctgaca gtggctgcca tgctctctgt caacaactcc atcttctacc1380
 gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaca atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg1440
 gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggt tactcttccc1500
 agtggtgcta tgagaacttt gtacagttca gatcgatgcg ccgagcccgg gatgtgcggg1560
                                                                                   30
 aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagttggtct cagttcctgc cagggggact1620
 atatccgtgt acgcaaggcc atcactgctg gttactttta ccacacggca cggttgactc1680
 ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc1740
 tetttgagea acagecaege tggetgetet accaegaaet tgtettgaee accaaagagt1800
 tcatgagaca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct ccccattatt1860
                                                                                  35
 ataaggccaa ggagctagaa gatccccatg ctaagaaaat gcccaaaaaa ataggcaaaa1920
 cacgagaaga gctagggtaa gagaaggacg taaacagaac ctgacaccag ctcctttcc1980
 ttctatacat tatttaatac ctattaaata aaattatttt tggaataaag cttgtgggaa2040
 catttgggat ctagaaaaaa aaaaaaa
                                                                                  40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:
  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                  45
     (A) LÄNGE: 1302 Basenpaare
     (B) TYP: Nukleinsäure
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear
  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
     hergestellte partielle cDNA
                                                                                  55
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                  60
 (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH
     (C) ORGAN:
                                                                                  65
```

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```
дсдсдастт давававая вавававая завававая за
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgaggtg caaataaaat gcagatgatll60
attititicci gggccactgg ggaatcigag gggtaatgg agagaaggaa cciggagtggl200
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct accttggcaa agaccaagatll40
greadying corettacte gggatteetg etgitgitgi ggeetigggt aaaggeeteel080
                                                                       52
certactyte cacetoatea aateaytee geectytgaa aagateeage ettecetgeel020
addoctorado rocedardor afroctacar teacocacta doctretocea cotordorea 960
драдардава двассосдрс ссассредва давссадава всвасссвся дассвадрр 900
ggcatcgtgt ctttcctgtg ctctgaagat gccagctaca tcactgggga aacagtggtg 840
даддавадся Едавадавас сседсддага адааддегад дсдадссада ддагедедсе 780
credceccrd decreaces, decredcerc edcedderdc rordderdde ceeddeeses 150
стададсстда ссаадассст ддссатадад стддссссаа ддаасаттад ддтдаастдс 660
atagoagoot toagtocato tootggotto agtoottaca atgtoagtaa aacagoottg 600
अववेद्यवेदवेद स्वेट्टबेवन वेत्रवेन्नव्येन वेत्रवेन्नवेद्येद्द त्वेद्देत्त्वेन त्वेद्देत्ट्ट्ट २५0
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
ategatatee tagtetecaa tgetgetgte aaccetttet ttggaageat aatggatgte 420
двосяддода гадосоводог довададава дадогаваса гаводдасво сагагасовг 300
cddcdfffdd cccedddecdd ddcccefdfd dfcdfcedce dccddeedce dcedeefdfd 240
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggctt cgccatcgcc 180
\mathsf{fdfdcccddd} crfddssffc ddfdcddsfd dccsdcfccd ddsfdscccd ccdddscccd ISO
credadrada acceatactt getggtetga tecatgesea aggeggget getaggete 60
```

(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 11:

- (A) LANGE: 1254 Basenpaare (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (C) STRANG: einzel (B) TYP: Mukleinsäure
- (D) TOPOLOGIE: linear
- hergestellte partielle cDNA (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
- (III) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 05

59

09

ςς

SÞ

01

(A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT:

:NA5RO (2)

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (VII) SONSTIGE HERKUNFT:
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11
- treceggates etgectageg eggeceaace tttacteeag agateatgge tgeegagat 120 гадассасса ссавасссса сасассастс асгодства вадавадая вадгадсава 60

| gtggtggcga ctggcgccga cccaagcgat ctggagagcg gcggggcttct gcatgagatt 180 ttcacgtcgc cgctcaacct gctgctgctt ggcctctgca tcttcctgct ctacaagatc 240 gtgcgcgggg accagcggc ggccagcggc gacaggacga cgacgagcg ccccctctgc 300 cccgcctcaa gcggcgcgac ttcacccccg ccgaggctgcg gcgcttcgac ggcgtccagg 360 acccgcgcat actcatggcc atcaacggca aggtgttcga tgtgaccaaa ggccgcaaat 420 tctacgggcc cgaggggccg tatggggtct ttgctggaag agatgcatcc aggggccttg 480 ccacattttg cctggataag gaagcactga aggatgagta cgatgacctt tctgacctca 540 ctgctgccca gcaggagact ctgagtgact gggagtctca gttcactttc aagtatcatc 600 acgtgggcaa actgctgaag gagggggagg agcccactgt gtactcagat gaggaagaac 660 | 5 |
|---|----|
| caaaagatga gagtgcccgg aaaaatgatt aaagcattca gtggaagtat atctatttt 720 gtattttgca aaatcatttg taacagtcca ctctgtcttt aaaacatagt gattacaata 780 tttagaaagt tttgagcact tgctataagt tttttaatta acatcactag tgacactaat 840 aaaattaact tcttagaatg catgatgtgt ttgtgtgtca caaatccaga aagtgaactg 900 cagtgctgta atacacatgt taatactgtt tttcttctat ctgtagttag tacaggatga 960 atttaaatgt gttttcctg agagacaagg aagacttggg tatttcccaa aacaggtaaa1020 aatcttaaat gtgcaccaag agcaaaggat caacttttag tcatgatgtt ctgtaaagac1080 | 15 |
| aacaaateee tttttttte teaattgaet taactgeatg atttetgttt tatetaeete1140 taaageaaat etgeagtgtt eeaaagaett ttggtatgga taageaetag geegetgtee1200 eggtaaceaa_aatggaaate tteeaaaaca ggaggeteag getggeeaaa aagg 1254 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure | 25 |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 45 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12 | 50 |
| geogragee teatetgeea eegeagtetg gttggagetg ttgtettgta tgeteagega 60 ggeoeggaga gaeeegggag agagetagge egagteeace geoegagtet getgeeegag 120 eeegegttae geacaaagee geogateeee ggeetggggt gageagageg accaeegeee 180 gggageageg eggegagaeg eaeggtgege eetatgeeee egegeeeeea eegeeeeege 240 egeggeagee gaagegeage gagagaaege geoacegegg ggeeegggtg eagetagega 300 eeetetegee aeetgegeg ageeegaggt gageagtgag eggegageg 360 | 55 |
| aggegttege gggeeeeete etgetgeeeg ggeeeggeee teatggegge cateegeaag 420 aagetggtgg tggtgggega eggegegtgt ggeaagaegt geetgetgat egtgtteagt 480 aaggaegagt teeeegaggt gtaegtgeee aeegtetteg agaaetatgt ggeegaeatt 540 gaggtggaeg geaageaggt ggaggtggeg etgtgggaea eggegggeea ggaggaetae 600 | 60 |
| gaccegetge ggeegetete etaceeggae acegaegtea tteteatgtg etteteggtg 660 gacageeegg actegetgga gaacateeee gagaagtggg teeeegaggt gaageaette 720 tgteeeaatg tgeeeateat eetggtggee aacaaaaaag acetgegeag gaegageatg 780 | 65 |

DE 188 18 620 Y I

```
accaatgcac atgragtaat caaatgtttg gggctagata ttatggtata caaaaacat 60
                                                           (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO: 13
                                                                                                                                                                                        09
                                                                                              (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                        ςς
                                                                                                                                      (C) ORGAN:
                                                                                               (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                      (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                        05
                                                                                                                       (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                                              (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                                                                        SÞ
                                                                                                      ANDo elleitre partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                             (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                                                                        07
                                                                                                                     (C) STRANG: einzel
                                                                                                                (B) TYP: Nukleinsäure
                                                                                               (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
                                                                                             (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                                                                                                                        32
                                                                                 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:
                                                                                                  гдэдэдсэгд гдддддггдд дгдэссээ
cofficitge caacteegt tecettatag caaatgtagt aaatgaggat gaagteectt2520
atagtgtgta aaaataccct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
tatytaaaat attaaaagac tatyatyaty acattitiat aaaayaaatc tiytyyttia2400
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagttctat aagctgtgta tacagtttt2340
cagtggtact tctactaaat tgttgtcttg tttttattt tttaaataaa ctgacaaatg2280
cacctetyta cayayaatac acetycecet ytatatecett ttttececte cectecet2220
ggggcctatt ttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctgg160
tigtatiti attigigcag gicatgcaca cagititgat aaagggcagi aacaagtati2100
gagggaaag aaacccacta aattitgcit igiticcitg aagaatgigg caacactgti2040
actigracyc tytaaccica totacticty atylititaa aaatyacti tiaacaaya1980
titcatigit igacacitaa igcaciogic attigcatac gacagiagca ticigaccacl920
actgatgtta tttgatttat ttaaaggcta aaatttgttt ttttattctt tgcacaattg1860
 grettigcca taagegaact tigigecigt ectagaagig aaaatigite agiccaagaa1800
ತನೇರಾದಿಂದರು ನಿರ್ವಾದಿಂದ ಕ್ರಾಪ್ತಿಸ್ಟರ್ ಕ್ರಿಪ್ಟರ್ ಕ್ರಿಪ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಪ್ಟರ್ ಕ್ರಿಸ್ಟರ್ ಕ್ರಿಪ್ಟರ್ ಕ್ರಿಪ್ಟರ್ ಕ್ರಿಸ್ಟರ್ ಕ್ರಿಸ್ಟರ್ ಕ್ರಿಸ್ಟರ್ ಕ್ರಿಸ್ಟ್ ಕ್ರಿಸ್ಟ್ ಕ್ರಿಸ್ಟ್ ಕ್ರಿಸ್ಟ್ ಕ್ರಿಸ್ಟ್ ಕ್ರಿಸ್ಟ್ ಕ್ರಿಸ್
\mathfrak{d} and \mathfrak{q} describes the degraph of the description of the des
adopádaces deopocades esadespas esadespas cosporpos seccopádages
fracticodd adctaadatd diditatita adddiddidaiga chorddoccala60
racaddedda dedddcracr adddedderd acereeerr erereerrigoo
 tyttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccgggtacl40
 occocdcorc rdsrccccdd dddcdadsfr ddcdcddad rdrddccdcd coccsrcsds1380
 edddccfcad adrdrdrddc rdrdrdrcfd rfcgacfccc cfcdccccat rfcacccca1320
 cacaddcctd ggctccccac tgagtgccaa gggtcccctg agcatgctt tctgaagagcl200
 άδασετάδος εδάδεσεσεδά δεδεσεσεσε εσεσδεδεσε δεδεδεσες σδεεδεδετόΙ500
 occeseedde cocceccddc cfdccfddce fordfof decdccfcfd dcffdcdccefffo
 cadesedaer ecceptera deceatree ecaededee dasdeedada edececarariogo
 scadecidest essetderge saggiacist gaggiacist ecoteoged etgecectdelogo
 rdcdcdaddr crrcdadacd dccacdcdcd ccdcdcrdca daadcdcrac ddcrcccada 960
 rddccdrdcd cercceedcc recdecrec rcdedrdcrc rdcceedecc eeddeeddcd 200
 pocaceded acidocodo eraeedoeda escocardor ceraasiaso aucodoacoe 840
```

aaccacaaat tcaagaaat ttttaaaag acaaagcca gcttacaaag atttgaccaa 180

tasaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120

59

| taaaacccct cgagcccaca gccttatcag ctggqgttga gggaagactg gtctaggtgc 240 tgctcctgaa cttggtctct gagccatggc ttcccataga cactcaggtc cctccagcta 300 caaggtgggc accatggcgg agaagtttga ctgccactac tgcagggatc ccttgcaggg 360 gaagaagtat gtgcaaaagg atggccacca ctgctgcctg aaatgctttg acaagttctg 420 tgccaacacc tgtgtggaat gccgcaagcc catcggtgcg gactccaagg aggtgcacta 480 taagaaccgc ttctggcatg acacctgctt ccgctgtgcc aagtgccttc accccttggc 540 caatgagacc tttgtggcaa aggacaacaa gatcctgtgc aacaagtgca ccactcggga 600 | 5 |
|---|----|
| ggactccccc aagtgcaagg ggtgcttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660 gtacaagggg accgtctggc acaaagactg cttcacctgt agtaactgca agcaagtcat 720 cgggactgga agcttctcc ctaaagggga ggacttctac tgcgtgactt gccatgagac 780 caagtttgcc aagcattgcg tgaagtgcaa caaggccatc acatctggag gaatcactta 840 ccaggatcag ccctggcatg ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc 900 | 10 |
| tgggcagcgt ttcaccgctg tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt 960 tgtggccaag aagtgtgctg gatgcaagaa ccccatcact gggtttggta aaggctccag1020 tgtggtggcc tatgaaggac aatcctggca cgactactgc ttccactgca aaaaatgctc1080 cgtgaatctg gccaacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccgactg1140 | 15 |
| tgccaaaaag ctgtaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcgt1200 tctttgtgtc cttactttct gccctatacc atcaataggg gaagagtggt ccttcccttc | 20 |
| agttgcagcg gctgctccaa ctcactgctt caccccgttt ctgtggagcc gggagaaggg1620 accctactgg accatggcat ggggttaact ttcctcatca ggactctggc cct 1673 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14: (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare | 30 |
| (A) LANGE. 1993 Baseripaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 50 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14 | 33 |
| ggggccagga cgccgcccgg cgcggagtgg ctgccctgcg cggggacact cagagcccgg 60 tgggcgggag gaaggcggca tgccccagac ggtgatcctc ccgggccctg cgccctgggg 120 cttcaggctc tcaggggca tagacttcaa ccagcctttg gtcatcacca ggattacacc 180 aggaagcaag gcggcactgc caacctgtgt cctggagatg tcatcctggc tattgacggc 240 tttgggacag agtccatgac tcatgctgat gcgcaggaca ggattaaagc agcagctcac 300 | 60 |
| cagctgtgtc tcaaaattga caggggagaa actcacttat.ggtctccaca agtatctgaa 360 gatgggaaag cccatccttt caaaatcaac ttagaatcag.aaccacagga attcaaaccc 420 | 65 |

```
даадтефесд аасдддефер садааадсуд ст
215
caatgtgacc gtggtgggcc tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
ascasacyaa yaycycaaya cacctayaa yaayccaaya ayaayaa^{420}
caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
                                                                       09
ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcagggaa gtaagtacgt300
dsagactotg ctgctgttg tggggctgct gotgacctgg gagagtgggc aggtcctggg^40
acacadacse sadaraceae rasecasada aracsssase recsassera asadesraso
gcagageget ataaataegg egecteceag tgeceacaae geggegeege eaggaggagello
\operatorname{csffcffdd} dcdfdsdfcs fdcsddfffd csdccsdccc csssdddddf dfdfdcdcds \operatorname{eo}
                                                                       ςς
                      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                       05
                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                    (C) ORGAN:
                                    (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                    (vi) HERKUNFT:
                                              (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                       07
                                          (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                       hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                       Sε
                                          (D) TOPOLOGIE: linear
                                             (C) STRANG: einzel
                                           (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                       30
                                      (A) LANGE: 572 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:
                                                                       52
                                ses essesses sessesstas sesettieps
T293
tttagttttg tattcaaaca attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
                                                                       50
agtigicigi aigigitita actattacag igcaigttag ggagaaatic ccigaattici500
agtigatitt geaatigigg taaatageaa ataacaatet tytatictaa cataatetgel440
cagocatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtot ttccttgacal380
taatgatatt taaagcaata attititgta tgicatacic cacaatitac atgiatal320
ctyctatyty aaaaaacat acacttayct atytttyca actotttty gyyctaycaal260
greanggett tagacettta tectatttt tattgaggaa aaggaatggg aggeaatgel200
gagaagacat teatggett gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaall40
asagettaag tetetgeagg egtggeacge acgeaegeae ceaeceaege geaettaeae1080
acceaegeaa gageeegeae aaageeeeea gagggetatg acaeggteae tetgtateeel020
ह्मतेटबबटटहट बटटहटबब्सट बब्बस्येस्टिबट हिट्टहटबह्म बब्स्येस्येस्टिस्टिस्ट प्रेटट्रिट्ट्रिस ३६०
adractatad tasaggeged agatasgtae eggeseectg agtgettegt gtgtgeegae 900
ಶ್ರತ್ಯಕ್ಷಕ್ಕೆ ಕ್ಷಣ್ಣ ಕ್ಷಣ್ಣ
adoportaged accapcoddo tagaacacad adrardadad crocodardac dasadrocar 780
cccacagoct cggtgccccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
atacaagatg cgcttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctagctcacc tcaaacgag 600
assagacadg tagtgagcgc ttcctataac tcgccaattg gyctctattc aactagcaat 540
attggtaccg cgcacaacag aagggcccag cctttigttg cagctccaaa cattgatgac 480
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 2520 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | | 5 |
|--|--|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch hergestellte partielle cDNA | Assemblierung und Editierung | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | | 15 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: | 16 | 30 |
| gctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct agtgccagg tttataaata aaacgtattt acaatttcca gaggtggtt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta | tagagttggt cccccatcag 120 cagaaacgtc caagtacatc 180 | |
| ccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa cttcagtaac gctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga atgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa acaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg | gaaagaacac acactccacc 300 agaatttctg tctcctacag 360 gagggataga ttaagacaca 420 | 35 |
| tagtggaaa tetagteaet geçaaaggag aaatatattt aaatgetta aaataattga atgaaeggaa gagtagaett teaggaaga gatteeeagt atgetgaggg gttegtggta eageagege tgggeetaet geaeageegt teattaeaat eatgeattt ataaagagaa tataaaaata tgtaeaatag | gaccaaattt acattcgttg 540 agctattcct ctgacgagac 600 attgttacaa gtacaatcag 660 | 40 |
| ttgoogaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt cttoottgg caacagtgca tcaaaagcco atotgaaata caacaccta coccaaacag atggagaaca aaactatgaa agtttotta tggcaagtot caggotaaag caggatgoca | tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780 tcgagatcca tttgcctcgc 840 agggtttgcc aagtactcag 900 gttcaactaa tcactttata 960 | 45 |
| ataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag teetaacea actteaaggg cactgecagg acacecaget cagaetaac acecaacgee tgggetggte atecececaa gtggattet geetcaecte tgeteaaaac tggaacteag gtagggttt etggtteeca gacaegatee tggeeataca | atttcctctc acaaactcat1080 ataccagggc ggaaggctac1140 cattccctgg aggggaggg1200 | 50 |
| tettttagg atacgetgea gacacgatee tggccataca tettttagg atacgetgea ggaccactaa gagtecacce tagaagget acatttegaa aaaacaagte aaatatecce eegagaggt categaceae aggeetgaga etgggteage eetgecaca agaaatatee aggacattaa ettacteaaa | agettetaaa gaettgaggg1320 etecageece etttgaaaet1380 aateaggete tttgaecace1440 | 55 |
| aagagaaac cccaaggtaa ccttaggcat teettteaga accettage teatagtgte aacateteet etaccaacea agaageaca tgggegatgt eteeeeteea etgetetgae taacaaget acaaaatgee agaaagacag ggagtaggag | ttcaggtaat tacaaaagcc1560 cccagcccaa ggaccagtag1620 ccacccctct ggcagaaaat1680 | 60 |
| ataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaagag gcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccacccacgc ccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa | cttctcactg ccttgctagc1800 aaacactcaa aaccccaatc1860 tgcacatctc cagccttcat1920 | - |
| | | |

```
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatgl380
sattagaaga caaacgttag catacccagt aaggaaatg agtgcagggg ccaggggacl320
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac agggttggaa ggatttcctgl260
goatgottag caatocaagt gcagagotot ttgotocagg agtgaggaga ctgggaggtgl200
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttcccactc ccctgctcca catgagccatl140
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgta ggttccccacl080
tititacige agaatgaact geaagticag catagiggag gggagggea gaaciggaggl020
tatacagige gcatgettac ageogggett eiggageace ageigeagee tagetacige 960
titeacatgt ticatageaa cigcittata tgactgatga tggcticcit geacaceaea 900
ggeetttetg actagtatea cacttetaat aaaateeaca attaaaceat gttteteact 840
gaagttictg ctgctctctt tecttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttcctg 780
                                                                                                                                                                                     ςς
ggaaagggc cggggacagg agggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
conceptit cicidendia generalizate decontage different in \epsilon_{000}
actatggtga ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
gttgtegeta cageaagagg tgcceatatt cetgetgget aacaacagaa tatccaggte 480
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgctgga tcgggagtgg cagttttact 420
дададаная свасаддась дасагддааь дарассадас дедсьссаас аасдддогдд 360
aatggaacta cgcctgcatg cccacaccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgctggt 300
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tettcagcaa gaaggaaggt tetgacagae 240
अट्मा प्रतिकृति विद्येष्ठ विद्येष विद्येष्ठ विद्येष्ठ विद्येष्ठ विद्येष्ठ विद्येष्ठ विद्येष्ठ वि
tagteaceat ggeetgggge cagtatggeg attatggata eccataceag cagtateatg 120
cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctggggta cttctgcccc 60
                                                          (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17
                                                                                                                                                                                     04
                                                                                            (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                     SE
                                                                                                                                    :NA5RO (2)
                                                                                              (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                    (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                      (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                                            (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                                                                      57
                                                                                                     hergestellte partielle cDNA
  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                            (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                                                                      70
                                                                                                                    (C) STRANG: einzel
                                                                                                               (B) TYP: Nukleinsäure
                                                                                              (A) LANGE: 1722 Basenpaare
                                                                                             (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:
  ctcccccag tgaaaatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtccctgc2520
  tecttaagag etetaetgee tgaatagate attaaaagtt accataatte acettccccc2460
  cagcagcaca attgagaaca accctaaat acatgcttga gagaaagtgg gtttttttt2400
  cagacacact asatcatgtc tottgcagat ggtotcaagt agttacataa gacaggtaat2340
  gaagagactg gottacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagogaa gattgaatta2280
  aagtataatc ataaattaaa agtogogaat caaaggtgac tggtagtgto ttttaggcat2220
  гаадаадын на даадсына сынданын даадын даадын
  acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
  atotoaatgo aaagaccagt accagatgto tgagttttgg ttacaggttt ataattagac2040
```

| ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa1440 aggagttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500 accctggaac cctggggag tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga ttttttggt1560 gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620 gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680 ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722 | 5 |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18: | 10 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1648 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 25 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 23 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18 | |
| tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60 | 40 |
| teagtteete eagtggtgt egggeeacee tgeagaetgt acgeagagag etaegagagg 120 gateeeageg geeatgaeea ggageeacag geagtgetga geeeteteat ageeategea 180 etgaaaatat eeeagattea tgagagaaet ggeeggaggg gaeeeactgt eateacetga 240 atagaggaaa gateacteae eagggeeaaa gagagtgete agegggagat getteactga 300 | 45 |
| tgccttcttg ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaacaaaag atattttgct 360 tttgggggat agagggtggg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420 | 43 |
| tattecteca aatgeageag ggeetttagt tgtetgttaa agetgeacta taatttggta 480 tetacatttt ateacacaaa ggaacetece ettttgacaa caaetggget aggeagetgt 540 taateacaac atttgtgeat caettgtgee aagtgagaaa atgttetaaa ateacaagag 600 agaacagtge cagaatgaaa etgaceetaa gteecaggtg eeeetgggea ggeagaagga 660 | 50 |
| gacactecea geatggagga gggtttatet titeatecta ggteaggtet acaatggggg 720 aaggttttat tatagaacte eeaacageee aceteactee tgecaceeae eegatggeee 780 tgeeteeee ateceateee eaacateeet gtaceaeett eteteacate tietaaaget 840 | |
| ttgtacaaat cacaatggtg cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttcctcttt 900 attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac cttctttcaa attcagccat 960 tcagttgtaa agttgggaag-aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020 tggaggggat ccttccttga ttacatcaag tatgttggta catgggttta tacaagttcc1080 | 55 |
| tettgagaag gcaaaaagae caccatgtgt gagagetett tgaettggee aataggggee1140 tatettaatg cacttgttg gacacattte tgatettatt tgtaaagget gcaaaaggag1200 aggatgaaat getgtaaaag taggaaatga agtggaaget ggaagaaaat gtaattggtg1260 gtacagetat gggeeagatg gtggaggga gggtggggae eeetgeegge aageagagtg1320 | 60 |
| tcacagctgg ctttcctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctcctctgta1380 ctcagccagg acacccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440 gcacagtcac tcaccctgcc atttgcggaa atgacctggt gcactttgac tgttaagcaa1500 | 65 |
| tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg1560 | 03 |

```
(B) TYP: Nukleinsäure
                                                                           (A) LANGE: 1610 Basenpaare
                                                                          (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:
                                                                                          вазававая вававасьс дд
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaal080
aycacacact taaaaaattt ttaatattyt ctattaaaa tayyacaaac ttyyayaytal020
gagaatttat gtggcttctc atttttaaat cccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
teceatgasas tattitatga tattaaagaa aateitiiga aatggeigit tittaaggaa 900
                                                                                                                                                   OS
addraggggg tactottgtc asaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agotcacttg 840
atotyticca totycigitat teatitictic aatotoalyt ceatitiggt gigggaging 780
taggaaaata accaagcaca aagttatatt ccatcctttt tactgatttt tttttcttct 720
aatyyaaaa aayayyaaay attaactatt tycaccyaaa tytottyttt tyttycygaca 660
008 sospeoses dodddddat atagaaaag tatttttct ceacagasa gossasagt
coctycocyc gaagtgacay tttacaaaat tattttctyc aaaaagaaa aaaagttac 540
afreadfife ageteceage etecaceegg gigageiggg geceaegigg categateet 480
acctedicte gigagecegig acctdectig ascatecge giageceate techgecigg 420
catglectic tecacggege tglacggega gagigacete taatecaeee egeeeggeeg 360
ctdcstcdcd cddstddccc cctscsccdd ccccdsctcc dtdccsddtd ctctddscts 300
caagaactac attaccatgg acgagetgeg ecgegagetg ceaecegace aggetgagta 240
\mathfrak{d} acceded acadatacag cadaccaagt catggctic ticaagatco tggctggga \mathfrak{g}_{80}
ggaccccaac cgcctggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgcga 120
{\it factocologit} decided accadate accadast {\it factocologit} {\it f
                                               (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO: 19
                                                                           (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                     (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                   30
                                                                                                           (C) ORGAN:
                                                                            (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                                   52
                                                                                                            (vi) HERKUNFT:
                                                                                                (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                        (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                  hergestellte partielle cDNA
 (ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                                                                    51
                                                                                        (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                              (C) STRANG: einzel
                                                                                          (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                            (A) LANGE: 1102 Basenpaare
                                                                                                                                                   01
                                                                           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:
                                                                             aagaaattoc taatttoaac ottaaaaa .
 titocatiti cigicigigo ticigicaga aactigciag gactitagig gocaataaaal620
```

(D) TOPOLOGIE: linear

(C) STRANG: einzel

59

| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 5 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20 | 20 |
| gegegetgat tggaegegtg gggegaggeg gaggagagee gtgegeaegg egtatgtggg 60 geegtgtgea gaeeegegtg tggegeagge aaggaeeete aaaataaaea geetetaeet 120 tgegageegt etteeeeagg eetgegteeg agteteegee getgegggee egeteegaeg 180 eggaagatet gaetgeagee atgageagea atgagtgett eaagtgtgga egatetggee 240 aetgggeeeg ggaatgteet aetggtggag geegtggteg tggaatgaga ageegtggea 300 gaggttteea gtttgttee tegtetette eagatatttg ttategetgt ggtgagtetg 360 | 25 |
| gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagaggtg 420 gccacattgc caaggactgc aaggagcca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480 gtggcaaacc aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540 cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tataggtgtg 600 gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660 gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattattt 720 | 30 |
| cctttgtcgc ccctcctttt tctgattgat ggttgtatta ttttctctga atcctcttca 780 ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840 aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900 gtttagtttg gtagaggtgt tatgtataat gctttgttaa agaaccccct ttccgtgcca 960 ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg1020 | 35 |
| tteettgaae atgtteeeat gtaggaggta aaaceaatte tggaagtgte tatgaaette1080 cataaataae tttaatttta gtataatgat ggtettggat tgtetgaeet eagtagetat1140 taaataaeat eaagtaaeat etgtateagg eeetacatag aacataeagt tgagtgggag1200 taaacaaaaa gataaaeatg egtgttaatg getgttegag agaaategga ataaaageet1260 aaacaggaae aactteatea eagtgttgat gttggaeaea tagatggtga tggeaaaggt1320 | 40 |
| ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaacccag agtaaacatc aatgctcaga1380 gttagcataa tttggagcta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag1440 atgttatttt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt1500 ttaaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaact1560 attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21: | 50 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1108 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |

```
(vi) HERKUNFT:
                                              (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                        ςς
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                        ٥٥
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                        ۲۶
                                      (A) LANGE: 675 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:
                                      στετασάδαδα δατέφοσετα φασοφέτα
SOLI
gaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac cccccttaat accccctaaa1080
attttococa cototcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg1020
atgagcaaga aactgcctgc tttacaattg ccatttttat tttttaaaa taatactgat 960
catcidddct dcicacacca accddaaaga diacaccita aigaaggcat aicgigigigigigi
σεάδεοερε τασοεάδοερ αταροσορία εσοεροσοί εσοτάδοερ οτασερορε 840
tygaatigaa ctactccacc agaaactaga yetccctgac aatgtatccy ytgaattigg 780
addceffcfc cefcfccffg caddfcfdfg facactgggc fcagfaagft gftafgftgc 720
tyggggettg ateggaettt gigettgeat tigeegaage ttatatecea ecatigeeae 660
σαςςταίςτ τασςτίταςς αστίςςτίτ αςςτίτιστα αστίτασστί τσαίστος 600
desdifeatg gagaatitg tigateeegg aaacaeaat agegggatig ateteettag 540
accedesagg acagagicat tigatgiggt cacaaatgi gigagiiica cactaaciga 480
                                                                        57
cacadidada tigigadac ggistatcac catacceaa aacaigeatt ggiatageec 420
atteattagt gatgaggeag atgaaagae ttataatgat geactitic gatacaatgg 360
tyleatatoga agtocagtic asyasaatic cayigatity aataaaagca totgggatya 300
tdfdcffadc cfcattfcca ccatcfacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
adcadedcedr crassidece designed coarriging sessesification 180
addardddcd rardcaddrd aradacrada daacaadacc rordrorood radcarocrd 120
ddaddcdcdd ddadadradd drdcrdrddr crdadcrada dddrdaadcr ddcddacadd e_0
                       (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21
                                                                        ςı
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                        01
                                                   . :ичэйо (၁)
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                                                        ς
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
```

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(C) ORGAN:

59

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

| agggaaagag agagagage ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttcctcc 60 cgggatgge ctgttttggg gtttgggact ctgaacccga gcggggttcc ttcgcttgac120 tttgatcctg gtccttaaat gcctttccc actccctce cgtgggttca ggggccaagc180 ggcccctcct cagagcacgg gcagcaccgt ctcetggace cctgtgtgcc agcctctga240 gacgcagctg gtgggagga gcatggattt ggaggtgga aagtcactcc tggtcctcgg300 agggggtggg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcggga ttggtgaggg cggacaggtt360 tctgaggcct cctttgtaaat tcacacgaga tagtccaggg ctttccagcg420 cccagcttg atgataatcc tcgtgtccc cactctaagg cctccttgag atttctttgg480 ggtctaccac gtcctctgcc tgtctccagg tggtacagga gatgtggttc ctgtccctct540 cctgggtccc taggggccc cagggccct ccctgtagct ttagctgacc ccatggtgt600 gggtgtgggg gggag 675 | 10 |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23: | 20 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 350 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 40 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23 | 45 |
| agcagagcaa ggttgggttc gctcctctgg cagaacctcg gctctcagga ggtccttgtt 60 ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gcccctcggc120 actaacccag ctggaaacca ggggaacaaa cggcctggag tgccaaaccc ttcgtgtcta180 tttttccag aaaaacgggg gcaatggctg ttgaggagcc catttgggaa gaactggtgc240 ctctaatggg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300 | 50 |
| acaaggggtt ccacccaaac ccaggccccg gcttcaaatg gccagaaaaa 350 | 55 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 746 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure | 60 |
| (C) STRANG: einzel | 65 |

```
rectitity agegaecty ceatatyag atetitiet gecaateegt aggitigigides
caceferrar refraceae areaedeare receasedada cadrecerda darrrearer420
अर्बक्टटबर्जुब वर्णबर्णटबर्टट रबटटबट्टिट वर्णुल्टबर्ट्ड रिव्यवर्ष्चेटर प्रवेटरिटबट्रेडि
trotttota agttoaagot tgttaaagto togtgtottt gggcagoott cttgcoctca300
cacygatacs totyctacte tytitigges treataged ctroctott cagacyaget240
acatoctiti taatacaggo acgitataac ataattocig gattitoaaa atocagcoaal80
desersodds serddresed drirdddoss srosferfr srdsserdds rocrosfecello
                                                                        52
eccecetec tecygettt ttttttat ttaagaaat ttatttetac ttetacagea 60
                       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24
                                                                        50
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                     (C) ORGAN:
                                                                        S١
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                        01
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                  DE 198 18 620 A 1
```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

resatdrese ceadedredd adradd

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 217 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 46 (C) STRANG: einzel
- (D) TTP: Nukreinsaure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

decectfder setecaceds ceacedeads aetecaced adacededge getegeses ettecates aececates dececeates dececates de

(III) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

SS

- (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

| agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac teteagttta ttgatgatta tteateetea 60 gatggaggag tttateegte agceaettea gtttegtett aaaacaggag eccacaggae120 ecaaggaact attaaggagg accaggaace taggttttt ettteaaaaa attggeeeta180 geeeaataaa tgaaggaaaa aattaggeae ettttt | \$ |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26: | 10 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 392 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 25 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26 | |
| geggateegg egtteteeac tgatetttte caaggetgta cagacatgge ggeggetttt 60 eggaaggegg etaagteegg geagegggaa cacagagage gaageagtga etaeegtaaa120 | 40 |
| aaacaagaat acctcaaagc tottoggaag aaggotottg aaaaaaaatoc agatgaattc180 tactacaaaa tgactcgggt taaactocag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240 gaagaagtaa coccagaaca actaaagotg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300 aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catotgcggg360 ttgcagggga ggcaggaaaa ggttgtttt tt 392 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27: | 50 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1796 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 65 |
| | |

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(VI) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(С) ОВСРИ:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```
дгадгдаваг вавдсадаса вадстрдава вавававава содасд
addractoot tgatotttat gaargacagg ttactgttt goottattgc ttaacttaat1740
dadctaadtg tcatgcatat ttgtgaaga acaccttt tggtcccttt tgggacagag1680
attigttact tgattcacct actgacctt tctttgttt gaagtgctta tcagcataat1620
adftagatcc cattagcact tgaaactaca getttggaaa ettaggetaa gttaatttgg1560
tittatatt agatgaggig caaaaaitti aatgctagic agtatgcacc accacaggaal500
                                                                        01
graficated eaetgatica atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgcct1440
aatagacca ctggittaat gittoctoaa gataggitti agigtaagot agtatictgil380
asacacaaaa cactitgatc ataactitt ticticagaa gecaaactaa ctigcagaat1320
tggtatttat tececaaagt aataatgtig aagtatgggg eteateatte ceatacaeagl260
cfccatatyt ttacacyttt gcatagacta cacacatyc atgcyttat ggcagytagc1200
accardassar cacracreca rarrraccad radadassar addesradad radadasradiii40
titcatitit tigigacccc acagagicic aaatititat ticactacct gctagagccil080
dccrcredd edriddedce ddddderddd reeffecede rifdcedeor eredeeededgogo
बर्बर्वेरवेबर्व टब्वेर्वेरब्बवेब बयुवब्बबरेबट रट्बेर्ट्टिव टबर्चेब्वेर्च बर्वेबट्बेर्टिच १६०
taaattytac taattytaca aagytcaago caattitaty aaacaytcot acagagtaat 900
asaatgitit asatatitag gaagcitita aaagacacta aatigiacto taaaagacac 840
ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtoctigtaa gcttocottg 780
dagactigag gaaaatacag atttttgtt tacctiggtc tigttttaag tottaaaaa 720
ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
ddfafccfdd adridddrid craecoffaa fricchafdar driffcraaa ardaaachid e00
                                                                        52
ssaatayte ageaatage ceaeaytet ggectaeag cagaettget gttteaett 540
ctaagtttaa gactttgtc atgtggtgag tcaaataaga ccattttgat tgtaaaccat 480
ggaattaac tattataatc tottgaatcc aaaactggat attaagaact ttocccctta 420
attitaaagg ciagattiti agaatattot caactagcat totticcatt gattigaagg 360
corddasaag aacccaaaga aaacctgagt ggacaggttc atttctggaa tgcagaaaac 300
ttacttccta ccccttccct gttctgcctc tttaactcag ttaagttgtt ctgtttggga 240
tosatattyc cacaataccc agggattaat gctyccacay gggggcaatc tttatttytc 180
agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
   cadecedase gistiagitg iteliasii tiileeeagi aaaataigga teliilaaga
```

(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 575 Basenpaare
- (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung wird Fülligerung wird einzelnen ESTs durch Assemblierung wird Editierung wird einzelnen ESTs durch Assemblierung wird einzelnen einzeln

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

59

ςς

51

01

ς

| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
|--|-----|
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 1 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28 | |
| ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60 ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120 ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180 | l |
| gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcactgc agaaagtgct240 ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300 agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360 ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420 | 2 |
| ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480 cacccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540 tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575 | 2 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 2927 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure | 3 |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 3: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 5.0 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29 | 55 |
| gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaaa 60 gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120 attaatccca gtgcttttac gcccggaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180 ggagataaga aggatcctgg aactttaaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240 gactggatt taagggaagt cctgtgtcag cacaagggac tgggacacaca agacacacag 300 | 60 |
| gactggactt taagggacgt cetgtgtcag cacaagggac tggcacacac agacacacga 300 gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaaagact tagaaggaca geteetttca 360 ectcatecta ettgtecaga aggtaaaaag acacagecag aaagaaaagg categgetca 420 | 65 |
| geteteagat eaggaeagge tgtggatetg tggeggtaet etgaaagetg gagetgeage 480 | 63 |

```
(D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                         (C) STRANG: einzel
                                                                                                                                    (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                                                                                                                                                                        05
                                                                                                                  (A) LANGE: 734 Basenpaare
                                                                                                             (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:
                                                                                                                                                                                                                        SÞ
                                                    дадаяссяда вдадддддг гргргргая ддддаявая сдссссс
2.927
ataacaatga agtotgtgtt tgatotgato gatactttoc agtocogaat caaagatatg2880
gactictica tggtgctaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtacca2820
                                                                                                                                                                                                                        07
gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaag agtacggaat gacctacaat2760
atgasaateg aceaetttea getagataat gagaageeea tgegagtggt ggatgatgaa2700
вадатддста ссаддават стстдтдатс вссятсттсд. дссстдтсва свасадсясстби
occaaggotg agaacaatat gtatgigcaa caacgigaig aatatotgga aagittotgc2580
teagtggeeg acctgctggg gtectttgaa ggeaaacgaa gactecttet gateactget2520
                                                                                                                                                                                                                        SE
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tcccaagaag2460
oaytetaga aaaagageaa gagaaaga gagaagagea agaagaaaa agagagtaaa2400
Odesquares tyrespaces and the contract and the spaces and a spaces and the contract of the con
страваван сваздуватс таваандсат даваянстту враменный даваранд 2280
gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcaggtggg gaatgttccc2220
aaacctccca aaaayaagyc ccaygacaaa attcttayta atgaytatga gyagaagtat2160
cdddsscatd dccsccdads cccsatdtd dtdccaddtc ctcccaagcc agcsaaggag2100
гсадаассса дсасааддус едседуссса дуссутесс дудасаассу сагудасаду2040
aggaggecea geaaggecae cagettggag agetteacaa atgeceetee caccate1980
teagagaate tttaccetee ateceggaag gateageaea gggagaggee acagacaace1920
teaecetece acaggeeece tacaaceact gaggtgatea etgecaggag acceteagtt1860
gttgctgcaa gacctatgac caccactgcc tttcccacca cgcagaggcc ctggaccccc1800
accaccette etectycece agecacaaca gtgacteggt ccacyteceg ggeggtaacallio
ctgagaaaac tggccgccac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac ccccagagcc1680
 аадааадау асссааддау адсасаадгс ссассаасса уауадауссу уусудаадус 1620
                                                                                                                                                                                                                         07
 მეშიშალი გამაცია გამაცია გამაცია გამაცია გამაცია გამაცია გამაცია გამაცია მებაცია გამაცია გამ
 aagatcaggc agaagggctt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccaggtgl500
 cccdffaggc tggaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gccccatccg taggatcgagl440
 adcaagtitg gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggaggg ctatccatat1380
 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttcctgaa gctggagaagl320
 ರತ್ತರತ್ವತ್ತು ಕ್ರಾಪ್ತಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಗಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಗಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಗಳ ಪ್ರಕ್ಷಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ ಪ್ರಕ್ರಣಗಳ
 ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttcl200
 gtatgggtca teteageece teatgeeteg gaaggetact accgeeteat gatgageetgll40
 cdfffcccff cddddfccgd cfcfcccggc gfccffdccg dcfffdcgdd dggdggcgdgf080
 aggggetete egegtgagat gateagagat gaggggteet eageteggte aagaatgttg1020
 ccdccadccc dcfcddacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaag accagcagcc 960
 cffcagcctc tecagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 500
 tttctgaggc acactgggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
 ddcedccecd deddecddes edfdccfffd dfffcfccdd scedcedded dccedcfcdd 780
 atgotytigg coatgigget agigigigga teagaaceee acceeeige cactattaga 720
 catototaty agcoaccatt gyattacaca atgacatyga gaatyggaco cogtttoact 660
 teatetagga aactgteetg ggaaceaaac ttetgaltte tüütyeaace etetgeatle 600
 acaccccttt tgtattgctc accctoggta aagagagaa gggctgggag gaaagtagt 540
```

hergestellte partielle cDNA (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(III) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

59

09

ςς

(A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT:

| (C) ORGAN: | |
|--|----|
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30 | |
| tccgtggggc tttaaaaaat ggttgtgggt gtgtgggttt ttttgaggtg ggagaggatg 60 tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc120 gatctgcaga cacccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180 | 10 |
| agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggcccctc tgccaagcct240 gtgtgcgatg cccttggtgc tttagtgcaa gaagcctagg ctcagaagca cagcagcgcc300 atctttccgt ttcaggggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatttt360 acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cacttttaaa420 tttgcacttt atttttttc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480 | 15 |
| agagetggtg agagaggagt caggeggeet teceacegat ggteetggee tecacetgce540 etetetece tgeetgatea eegettteea atttgeeett cagagaactt aagteaagga600 gagttgaaat teaeaggeea gggeaeatet tttatttatt teattatgtt ggeeaacaga660 acttgattgt aaataataat aaagaaatet gttatatact ttteaaaate caaaaaaaag720 tagggagggt aagaaaaagg geg | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31: | 25 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1667 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 40 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 45 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31 | |
| agagecaata geatggggtt tacaaggeaa agatagteat teatteaaca catatteata 60 gageteette tetgtgeeag acaetgttet ggaagatage tagatgaaaa tetttgeaet 120 | 55 |
| cacagagett acatgecagt gagtgaagat egatgataga tagatgaaa teettgaata 120 cacagagett acatgecagt gagtgaagat egatgataga tagageagat geteatatg 180 tteacatttg ataagtatat gecaaaaat gaageegga aggaggacaa ggeccatggg 240 tgggtgttga ggtttttaaa gtgtggteag gaaaggeee actgataagg taacatttga 300 geaagtetga aaaaggeaag gggatetttg gggetaaett egggateeet geaetttatg 360 taagaatgta aacetggagt eteatttaag aatgateage aataegttta gaacatatga 420 actgaatgaa atggacattt tttettaatt taegtataaa teeatatgat tatacataaa 480 | 60 |
| gttctgatga atggacatt titettaatt taegtataaa teeatatgat tatacataaa 460 gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540 tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcca 600 | 65 |

```
(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 33:
                                                                         09
                                                            τοεεεεααε
ctctgaatgg gggacaagaa acgctctat agcacaaaga tgcatggact tcatgacagc240
                                                                         ςς
व्यवयव्यवस्त वर्गात्वर्वक वर्ण्यत्वरं म्थववर्षात्व वर्ण्यवर्षे वर्ण्यवर्षे वर्ण्यवर्षे
agagigicia cettitacag eteigaceet accteatita attigeiget titaatetaci20
cgtggtaggc acticateag tgtttactga ttgaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
                                                                         0$
                       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                         57
                                                     (C) ORGAN:
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                                                         ΩÞ
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                         ςε
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                         30
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                               (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                       (A) LANGE: 249 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                         52
                                (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:
                  сяссяствся сессядосей дагдасадай, едадасееся гоговая
aggetgagge aggagatea ettgaaceeg ggaggeagag gttgeagtga getgagattgl620
ctasasatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaacccca gctactagggl560
qatcacctga tgtcaggggt tcgagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgctal500
adddceddddc ecdddfdcfc ecdccfdfee fcccedcecf ffdddedddcc eeddfdddcdfff0
aggaatagta acattatgaa tgccagggac agtgtgctca gtaaagtctt ccatccaaaal380
adadcradad cacattttt gttgtcacaq caactggggt ggcatttgct gccagtgccl320
gacceteceta greatectea actggggegg tgetgteace gaatggtgtt tgagagtgttl260
aatgtotoac otttoatott tititottaa ticataagt tatotigtag aattigalgol200
ticasastys tastigasic totosqtigt gggaatasti atcagagaca igcaacigaall40
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa ggttaaaaga aacagtgaga aatgtaaacal080
ticacititic agaicagigt tigaaaiggo aattaicagi giiggattia giiccaactal020
aaaaggaata titaltagcc atatgcagaa titclaatga tgatattgta cagctictaa 960
ctatagtyte ceaetetate tytaaagate attiggaaga etttagaete tattaatitt 900
cettetagty gittgaaaat gitaaaacat ceetaaaate taaateatat aateagaatt 840
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc ttaaaattgt totcctcgta 720
titiccicac cagialica gagalggica tagcicalia civiaccac angaarciaa 660
```

59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

| (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
|--|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 1 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | l |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 2 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33 | 2 |
| aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60 aaaaatggtt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120 | |
| atactaaact gagtgtgact attiticaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180 taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aattititt cetttaagac atgcactett 240 gagtectaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtete 300 ctagcettaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcategg etttcattat tgtgcagaaa 360 tattagaaaa ectcattgat caattitatg tatttgaata teagcaaatt gaaattitee 420 | 3 |
| ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480 aattcttaaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540 tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gatttttatg gcatacacaa 600 gaatgccact ttttcttta tttcatacca ataatttaaa gattgatatg ctaaaaacaa 660 | 3 |
| tttgcacage actaaageat gagetaettt catetaaace tgtaaaaata tgaaaagattt 720 ttatattttt teaetgggaa gaaattette etggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780 tatttaataa aagaettata aaatacetaa etacaggaet taaaatatag attggegegt 840 agtatataga acaatattee atataaataa gtttageett tataaaaatg aagttgeagg 900 etgacattae attetgtaet tactaagtgt caacageeet tacaaacatt aaatgtaaat 960 | 41 |
| ggtttcaaat ggtcagcgtt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct1020 ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat1080 taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaacg ttttctttct1140 gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa1200 aaaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246 | 4 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34: | 50 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 215 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 6 |
| | |

```
tetgtaaact geaa
  actytygtaa aaayctyaac atccctycty aacayyttya yctyatcaty yycatytccy720
  catgatetta gteaaggace aaatecagae ttecagetgt tattgteget eceggaagag600
  ataaacgca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
 agoggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
  agticciggc agagaaagg tictccigaa aggitaaagg ttaiggicca gattaacacc480
  grecceate tetreatget ggaaacagtg gattetgtga agttggcaga caaagtgaac420
  gagatcaaat ggcacttcat tggccaccta cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
  aactacytic aggaactyct agaaaagca teaaateeea aaattetyte titgigieet300
  ассавассту садасатудь дагсуарусс татурасату учения сересу тетруру дагододод дагододод дагодод дагодод дагодод дагодод дагодод дагодод дагод даго
                                                                                                                                                                                                                                               SS
  драдсасадс адссасадая горосовасс яросовассо адсряднадо адрояния
  rcddccdadc rdddadrcdd drdcdcaird cdddcddrda acdadcdcdr dcadcaddcrgso
  ಕ್ರಿಂದರಿಂದರಿಗೆ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರ್ ಕ್ರಕ್ಟರ್ ಕ್ರಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಕ್ಟರ್ ಕ್ರಕ್ಟರ್ ಕ್ರಕ್ಟರ್ ಕ್ರಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಕ್ಟರ್ ಕ್ರಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಿಕ್ಟರರ್ ಕ್ರಕ್ಟ
                                                                           (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35
                                                                                                                         (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                                                                               ςb
                                                                                                                                                                              :NA5RO (2)
                                                                                                                           (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                                                              (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                                                                               04
                                                                                                                                                          (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                                                                               (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                    hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                                                                                                                                                               30
                                                                                                                                              (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                                        (C) STRANG: einzel
                                                                                                                                                  (B) TYP: Nukleinsäure
                                                                                                                               (A) LANGE: 734 Basenpaare
                                                                                                                         (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                                                                                                                                                                               52
                                                                                                          (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:
                                                                                                      двааставас гаддааасду адаууууды
   ccgggcaact ttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
    tgctgtattt ttaagaaatg gagtttattt aaataatagt taagcttgtg cccatgttggl20
    addaagcatt ttggatatga tgcaggaaat ctottcctgg agtcaaagt tcccaagagg 60
                                                                                                                                                                                                                                               SI
                                                                             (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34
                                                                                                                          (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                                                                                                                                                               01
                                                                                                                                           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                                               :NA5RO (2)
                                                                                                                            (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                                                                                                                               ς
                                                                                                                                                                               (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                                           (iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36: | |
|--|----|
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 314 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 15 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36 | 30 |
| getgetgggg agecactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtec 60 tggtgtggag gtacagaget agaccagcae tggtecetee ageccectgg tagcetetgc120 tgcaactgaa etggeagett ttgccgctge etttagetet gcatgtatge gccctgaagg180 ttctgcetet etgttttgga atcgccttce ectectcatg tttggggace tgcaagggtg240 tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggee tetttetetg gactgtettc300 aaagggatga ettt 314 | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37: | 40 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 60 |

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```
56656666 566666666 56666666 56666666
adadddactd ddtcttcact tcttdddcta afasasttdt ftctttdtdd actasasast800
adetectore tracocaeae ctatectit qaqqqqett qqqqqqqqq tqqqqqqqqq
attigcacag accgicgict iccciccagi citcigaggg ataggggaca ticcaiccal680
etecetete ecetytiate etggtetat aaceeeeae acatacaee etggtgaeell620
diffectiage eccayetece etigitite etgggeette aacagatece ceactgtece1560
accotycote agasaggace ceactiting gitchagece cactotices acctetity1500
ತಾರ್ಡಿಯಾಗಿತ್ತು ಇದ್ದು ಕಾರ್ಯಕ್ಷಣಗಳು ಕಾರ್ಣಿಗಳು ಕ್ಷಾಣ್ಣಗಳು
cteagacceg gaagacetge cceatttgea ageageetgt teateggggt ectgggggaegl380
adoracidad sorcecific acrostacer seesesdeed craediades eccidates 1350
agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca tttgcctgga tgaatatgag gatggggacal260
adorcoaded daategaett accaagage aactgaaaca gatteetaca catgactatel200
dacidctddr retggccatg ggagcagtaa rgatagccg regraccag caccggaaclid
tygttccaga caataccttc cccttgggct attacctcat cccttcaca gggattgtggl080
adadasadere edadracere redresseda dasadadader edadracree1020
\mathsf{rdd}\mathsf{rdd}\mathsf{rdd}\mathsf{sd} redraddes scceedcade sastcrades cccdcctdte ffrefidddd \mathsf{ego}
agaaggetgg atatggtge getgtagtae acaatgtgaa ttecaatgaa ettetgaaca 900
retriating getgeteds agattegact geaetitus cetesaggie chasatgeec 840
acceadacaa tycctycayc cccattyccc caccaccccc ayccccyyc aatyyytcay 780
cadcrcrdrf radddcracc rrdadccadd adddccrcca ddddrfccrf drddaddcfc 720
cccdddddcr carrcdadcd accreddace acaardeead carddacrrr deadacerre eeo
actaaacgge ettecegett eetgeggttg tggeegetgt getgtgggga geggeecega 600
cttccgcgt tttatccccg taccagaaa ggatacatt agtgcctcc acccagctcc 540
ctecttgage tecgecace ttecegaagt ttttetgtea cetgtgttag geteegteee 480
ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc cacctagcag gaagtcccac 420
9ddddgcddd 1gaddfddfd 1gacececed caedefffde 1gaddddacaddca 1gadaceadad 1ga
rdadrecddc redeceadrr ddadederer ededaradae acadeaera rreagerged 240
accgaattag aatcgcggga aaatagagaa gagtttgttt gaaggtctcg cgagatcgag 180
\mathfrak{s}rdds\mathfrak{s}dcd\mathfrak{s}dcds\mathfrak{s}dcdfs\mathfrak{s}cccfds fffddss\mathfrak{s}ccc \mathfrak{s}ds\mathfrak{s}ddss\mathfrak{s}dd cdcfdfffc \mathfrak{s}Cc
ರ್ಡಿದಿಕೊಂಡಿತದೆ ರೇವಿರಿತಿದಂತರ ಅರಿತಿಕೊಂಡಿದಂದೆ ಕಿಡಿಕಾರ್ಕಿಕ್ಕಾರಿಕಿಂದ ಕಿಡಿಕಾರ್ಕಿಕ್ಕಾರಿ ಕ್ರಾಂತ್ರಿಕ್ಕಾರ ಕ್ರಾಂತ್ರಿಕ್ಕಾರ ಕ್ರಾಂತ್ರಿಕ್ಕಾರಿ ಕ್ರಾಂತ್ರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿ ಕ್ರಾಂತ್ರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರರ್ಥಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್ಕಾರಿಕ್
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LANGE: 1931 Basenpaare
- (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKULTYP: sus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (!!!) НХРОТНЕТІЅСН: ИЕІИ
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

59

ςς

os

ΩÞ

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

| | | 5 |
|--|----------------------------|-----------|
| cageegeege ceatecetet ttgtgtgett tggaaageeg gttggtgttg ggggettagg egagggaegt tacegggaag | cggagctggt ggtggctaca 60 | |
| ccccatccag tcacctgaca ggtcacaaac atgtcagaca | aaantnaatt aaannotnan 190 | |
| ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg | aaaaaaaaa aaaaaaaaa 240 | 10 |
| gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaagctg | ttactactat accompany 200 | |
| tcagatcttg aaaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc | ttoaaagaat ggagataat 300 | |
| ccagaatccc ccattgtccc tectectatg tetecatect | connected something 400 | |
| agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggcgccgtgg | astatagana amanasta 420 | |
| agacttogaa togctaaaat caccaaacta gactttaata | gatetagacg aggacetatt 480 | 15 |
| aaacttggaa tggctaaaat cacgcaagtc gactttcctc acaaaggaaa ctcagactcc agttatggct caacccaaag | cucyagadat tgtcacgtat 540 | 13 |
| gatgtagtgg ctcctaaacc acctattgaa cctgaagaag | aagatgaaga ggaagatgat 600 | |
| gaggaaaatg atagtaaagc tcccctcat gagctgactg | ayadadciii aaagaaagat 660 | |
| ttgcactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta | dagaagaaaa gcaacaaatc /20 | |
| ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga | caagaatige agaaagaget /80 | 20 |
| granagatto aagragatgo taaactgtoa ttaaatgaa | gagattigga agacaaagaa 840 | 20 |
| ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaatcgac | adtttttga cgaacgttgg 900 | |
| tcaaagcatc gggtggttag ttgtttggat tggtcatctc a | agtateegga gttaetegtg 960 | |
| gcttcctata acaacaatga agatgcccct catgagcctg | atggtgtggc ccttgtatgg1020 | |
| aatatgaaat acaaaaaaac taccccagag tatgtgtttc | actgccagtc agctgtgatg1080 | 25 |
| tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgttg | grggracata trcaggccaall40 | 2.5 |
| attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag | Egcaaagaac tccactgtca1200 | |
| gcagctgcac acacacacc tgtatattgt gtaaatgttg | ttggaacaca aaatgctcac1260 | |
| aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat g | ggagtctgga catgctttcc1320 | |
| catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa | aagcagtagc tgtgacatct1380 | 30 |
| atgtccttcc ctgttggaga tgtcaacaac tttgttgttg | ygagtgaaga aggttctgtg1440 | 30 |
| tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg | agatgtttga ggggcatcaa1500 | |
| ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag o | cagtagactt ctcacatctt1560 | |
| tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga c | caactaagaa taacaagcct1620 | |
| ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg t | ctatgtggtc acctacccac1680 | 35 |
| ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagattgg a | atttgtggaa tctcaataat1740 | 33 |
| gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggta a | atcctgctct taatcgtgtg1800 | |
| agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga t | ttctgaagga caagttttgt1860 | |
| tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tggtcccccc a | aatgatggat tggcgacggt1920 | |
| tggcccgacc c | 1931 | 40 |
| | | 70 |
| | | |
| | | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39: | | |
| (=) = | | 45 |
| (I) OF OUT ALL ALL ALL TERLOTHS | | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | | |
| (A) LÄNGE: 294 Basenpaare | | |
| (B) TYP: Nukleinsäure | | |
| (C) STRANG: einzel | | 50 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (D) TOPOLOGIE. Ilineal | | |
| (1) 1 4 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch As | semblierung und Editierung | |
| hergestellte partielle cDNA | | 55 |
| | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | | |
| () 1111 01112110011. 142114 | | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | | 60 |
| (III) ANTI-OLINOL. INCHN | | 60 |
| AN HEDRINGT. | | |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| (C) ORGAN: | | 65 |
| • • | | |

(C) ORGAN: (A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT: (iii) ANTI-SENSE: NEIN (III) HYPOTHETISCH: NEIN hergestellte partielle cDNA (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 52 (D) TOPOLOGIE: linear (C) STRANG: einzel (B) TYP: Nukleinsäure (A) LANGE: 882 Basenpaare 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40: acgiggeate cataatitae taiggageaa gigeceaeat cictaggaea tiaa teatagette ttatettgga ggaaggacae aatteaaagg ggeagtaagg attttgtaaa240 atttagggaa agatagaact agaaaggctt ttcattataa ttccatgttg aacaattgag180 01 ggaaatttaa cagacagoca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120 agttaccatt gcctttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60 (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (VII) SONSTIGE HERKUNFT: DE 188 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(Vii) SONSTIGE HERKUNFT:

tatgaatgat cogttacad decattacad acceptage transaatt tatgacada 60 costtacad cogtcact tatgacada cogtcact tatgacada cogtcact tatgacada cogtcact tatgacada cogtcact tatgacada cogtcact tatgacada cogtcactca cogaquage cocquage cogaquage cocquage cogaquage cocquage cogaquage cocquage cocqua

59

SÞ

07

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 179 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
|--|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 15 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41 | 30 |
| ctttttccta gtgttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtagget tetggaatag 60 aaacagtggt ttgaagacee cactgecace ttgatggact ggeeeetttg agtetgaate120 eeegggeggt gtgaeetggg acceaacegg tagetgggee aactecagtg aattcacee 179 | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 238 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 50 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 55 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42 | |

DE 188 18 970 V I

```
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:
                                                                        ςς
                               gtttgaattg ggggtgttcc.gcttaggaag gttc
ссяддсявдд сдеяддерая егдаядераня вадсявддея ерерддавасе сооб
tyacaayaaa aaaaacayay yetttyoctt tettyaatat yaayateaca aaacayetyc840
tyaagaattt agcaaagtaa cagagggtet tacagacgte attttatacc accaaccgga780
tyccaacaat aggetttty tyggetetat tectaagagt aaaaccaagg aacagattet720
taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt660
totosataga ggttatgogt ttgtoacttt ttgtacaaaa gaagoagoto aggaggotgt600
attatttgag aaagotggac otatatggga tottogtota atgatggato cactoactgg540
tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480
acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
гдаддсявая атгааддсяс готгддавад васаддстас асасттдагд гдассасгдд360
gacttacagg cagagagaa aacaagggac caaagtagca gattotagta aaggaccaga300
tasagacagt gatototot atgttcagaa caaaagtgco tttttatgtg gagtcatgaa240
agotatigaa gotttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
ggatttetee geeteageee aaeggggagg getagttgea catagtgatt tagatgaaag120
crededeedd sesesdddad esdedadese dedrrreced esseecdars eosreddaes eo
                       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                        30
                                                     (C) ОКСРИ:
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                                                        52
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                        70
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                      (A) LANGE: 934 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                         01
                                (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:
 gasatasasg tggaaattga atatgggtgg catttgtac cogtttagtc tottatgt 238
 ggcgggcaac tttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcatttaag180
 tectytattt ttaagaaatg gaatttattt aaataatatt taaagettyt geecatyttg120
 विवेषवव्यवादा हित्ववेषव्यव हित्ववेषव्यव वेह्नहित्ववेषेव विवेद्दव्यव्यवे हित्वव्यवेषेव १०
```

180

59

09

(A) LANGE: 231 Basenpaare (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel

| (D) TOPOLOGIE: linear | |
|---|---|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | i |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 1 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 2 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44 | • |
| ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60 gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggttaaagg ttggggggat atggagatgg120 atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180 gaaataggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231 | 2 |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45: | 3 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 669 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 3 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 4 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 4 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 5 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45 | |
| aggaattegt taaatgeetg aagaageeet teggggaate ecaaaceeet gaacatttgg 60 aatgageee eagatageaa tateegaatg caaageetae tggeetteea ecagagacaa120 cecatttatg atttgeetgt teetgtaaga gtgeggatte etteetate aactgeetga180 | 6 |
| tatcatcttc aggaagcaag teecataaca tgacatatet ggattttgtg cettagaace240 ttaaattgga agcattetta attatgcate taaatttaaa agaagataat ttcaaaacag300 | 6 |

DE 188 18 620 V I

| (iii) AUTI-SENSE: NEIN | \$9 |
|--|-----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 09 |
| (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SS |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 228 Basenpaare | 05 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47: | |
| cyateacytt tteacatyat yeteacycte ayyycyctte aattateect eeceaaaga gategegty attygegegegegegegegegegegegegegegegegegeg | St |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46 | 0t |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | 32 |
| (vi) НЕККПИЕТ: (C) ОКФРИІЗМПО: MENSCH (C) ОКФРИ: | 30 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 52 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (B) TYP: Mukleinsäure (B) TYP: Mukleinsäure | \$1 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46: | 01 |
| tgottiotti cocttggiti catcattic atitottasa cosaatraci trggitatatgiso biscottiottic atitotioso disconsista cocttggiti catcattiotti ascacagosa catcatotti agottiotti ascacagosa catcattiotti ascattigo cottoctti ascattigota traagattiat taaagattiot attottosoo cagtotcotti taaagattic attictgtaa600 cagtotcotti agtititocoa traagatati taaagagosa cagtotcotti attottotaa600 cagtotcotti agtititocoa agtatotti garaficati attictotaa atacagago coccagago cagtotcotti agtottotaa600 | S |

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | : |
|--|-----|
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47 | 10 |
| agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60 ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120 cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180 atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228 | t: |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48: | 20 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1229 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 2.9 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 24 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 40 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48 | |
| aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggcctagtac tagataatat 60 atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120 tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180 | 50 |
| atatttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240 tataaggata tccagagaag ccaaactgtt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggg 300 aaaatgcatc tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360 attttcacgc tggctgcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420 ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480 acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540 | 55 |
| atcggtaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600 tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcctttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660 tcatatttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgtt 720 caagaacaca tgaaattctt.ttaacaccag attagtgtgt taccccaaat gaacggttct 780 agccctctat taagaaataa agggaccata agcattttgg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840 | 60 |
| ctacttacaa gagicttgaa aattatacag aactttgcct tetttttta atgtetteca 900 caatgttgtg actgattata accetgttte eecteagaga agagetatgg etcagggate 960 | 65 |

```
(D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                  (C) STRANG: einzel
                                                                                              (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                                 (A) LANGE: 231 Basenpaare
                                                                                                                                                          09
                                                                              (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:
                                                                                                                                                          ςς
                                                                              αρασος αροτρέρος ασασέτος συγίσες συγί
  gatatocaag tttottocat atocaagett cattggggga cocccatttg getttaacag720
  gaaacgatga aatottatag atottttgac agtttototg tttaggggga gootaggact660
  асастсовь давастадда адастдаать атдадудава статтьудуда ттадъдусса600
  tylttittgg ggtttttt tittaagaaa tatttcact ggttttctgt gactctctaa540
  ctdrcccrc staactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatg480
  tagaaattaa atatagatag catgattata cocttttagt totottattt ttotactoct420
  tititeaty y gractiatia gaagaagiti titeateity teatitiaag aaaataaaae360
                                                                                                                                                          St
  ttaagaaatg gaatttattt aaataatat taagettgtg cccatgttgg ccgggcaact300
  ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg tcctgtattt240
  tracccccat tittitia aaggecatet gaatteeat tigteatggt gggaageati180
  octysaatte agagtyttaa etttytagae eetgeacaat etettygtge tatetagecal20
  dragadacs daradacada ardcadadar acaradarda dordagacra arccadorco 60
                                                                                                                                                          Oτ
                                                 (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49
                                                                              (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                                                                          32
                                                                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                :NA5/AO (O)
                                                                               (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                (vi) HERKUNFT:
                                                                                                   (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                                                                                          52
                                                                                            (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                     hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                  (C) STRANG: einzel
                                                                                              (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                                                                                                          51
                                                                                 (A) LANGE: 750 Basenpaare
                                                                             (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:
622T
                                                                                σεαδετες εαθεεαβατε ετετεαβαβ
taccctatgg ctagtgttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcacttll00
cfffdfcfa affcfaafdd dcffaagcc aagaaacca tagfafaaat cfffffggli40
asasctgact catgtottta agttagttga agttagttt aggaatgtta ctototyty1080
tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaga aaccattata tgacctgacal020
```

| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
|--|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 5 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50 | 20 |
| gaggcoggga gtggaacccc ctcttttgag aaggttgcct gactcagaga cacagaaacg 60 ggtccaggga tggggagaga tgtggagtga gggaaggttt gcatttgaga aaggaagttc120 gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180 tcctaataat gggaggtcag ggccaggtcc tcgggcatag ggagagggtc c 231 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51: | 30 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 50 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51 | |
| tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60 ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120 aacccattta gccttttact tatatctggt agaattccag tgatcatcct aataaggtat 180 atttcagaat aatttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggctcc 240 | 60 |
| taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300 aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgtta agtccctaag 360 agattacatg ctagggcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420 | 65 |

```
59
                                            (D) TOPOLOGIE: linear
                                               (C) STRANG: einzel
                                             (B) TYP: Mukleinsäure
                                       (A) LANGE: 611 Basenpaare
                                                                           09
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:
                                                                           SS
                   acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt
\mathfrak{c}ccddcdd\mathfrak{c}ddfddgcd\mathfrak{c}cfdfffffg ggdfdcccg \mathfrak{c}ccgccfgfc \mathfrak{c}ggfgccfd\mathfrak{c}gg
addadadeds csaddrdssa ardeceeded eeddddedre csaeddsadre erdecsaerd_{1}0
decederate edddarrad edddecede derdarrae ededdarra eg
                                                                           05
                        (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52
                                      (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                           SÞ
                                           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                      (C) ORGAN:
                                      (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                           07
                                                      (vi) HERKUNFT:
                                                (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                             (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                         hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                          30
                                            (D) TOPOLOGIE: linear
                                               (C) STRANG: einzel
                                             (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                          52
                                       (A) LANGE: 226 Basenpaare
                                      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                 (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:
                                                 ваваффдав ссстатсяся
scardddada crdsadardc adrdadccar dsarcadcaa crdcacacca drardadadagggo
aaacaattag ctggacctgg tggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattcctttal260
tgggcaacag agggagacce tgtctctacc aagaaaaaa aaaaaaaaa aaagttaaaa1200
\mathcal{L}ceadcacttt gggaagceaa agtgggagga ttgcttgagc ceaggagttc caaaccatccll40
daattgatca ggittaagto atoctgotca ggitgggoat agiggotcat gootgtaato1080
ffdccffcac agagiccfcc tigacaccc fgacttaatg atagitgctg tittggagtal020
ctgcagictg ctagggatgg gcctictiat cccacicteg cacacatece agictagict 960
octocotgoc accoatcaca ctagitaggg ctggccatga attotatgcc agagicactc 900
gacacagagg tocagcocca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcot 840
adcadacad aaccacacc dificitia aaggtaacgg alacatiggg alteaggagt 780
tetttecat ggtdtaett tattateaga aagtaaatte agaaacagg tettgceett 720
sasacaddca gotagcactg gaaagcoca tgtggtgaco coatatttt otgaggttot 660
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
titocagagt aaataacoca coacaacott ggtaattoot ottictottot taagotosag 540
offcaactat ccacataagc taggetitec getitigeca eggacaytgt gacaaagata 480
```

| hergestellte partielle cDNA | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 5 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53 | 20 |
| gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60 ccgcaacccc ggctcggcct ccccaggccc cgccgctgcc gcagtcatgg ctgctgatgg120 ggtggacgaa cgctcgcctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180 cccaccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagtcc cacctccata tacagccatt240 gccagtccag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300 aatttggatg gcaagcttca ccagcatgtg gttaagtgca cagtttgcaa tgaagctacg360 | 25 |
| ccaatcaaaa acccccaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420 atttgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480 aaccttggcc cagtaatgct tatttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccaa540 tcccaaccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600 tgggatggga c | 30 |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54: | 35 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 689 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 50 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 55 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 6 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54 | |
| gccgaccgga cgcaggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60 | 6 |

```
(B) TYP: Mukleinsäure
                                       (A) LANGE: 851 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 56:
                                                                          09
                                                αδαδάσεσες εσεσερεσε
 095
                                                                          ςς
asatccaaag gaaagttatg gccgttcatc aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtgggggg
 tttgagcete ctggagacat tgaatttgag gattacacte agecaatgaa gegcactgtg420
 gecgaateaa tigateagaa aaatgattea cagetggtaa tagaagetta taaateaggg360
 daggitgatc ggcaggigat cccaatcait gggaagigcc iggaiggaat agtaaagca300
 रबटबरविवये ट्यायेवयेवबक्य प्रवायेवर्टपूर्य व्यववर्पप्रयाच वर्परंटटवर्प्यक प्रवार्वित्र प्रवार
 aattoaacca tyaycaycat yaatattacc atactoacat coccaacatc ttocayaaaal80
 ctcaaatacg tcaccaaatg gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccagall0
 адававідда сдсідасагс ваідісасва вадоддаїді ідававддос одасавсвад 60
                       (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                     (C) ORGAN:
                                      (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                                                         Sε
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                         30
                                            (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                         52
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                               (C) STRANG: einzel
                                             (B) TYP: Mukleinsäure
                                       (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:
                                                                         51
                                      гасграгада дреддасаад асгососра
 689
 adcradador gorggatita atdititiquy attaaticae gaaccgicig cagcicitet660
 tgtagttatt actgtcccgt ttgattttgg agaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
 actgatatit agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
 acgatatgaa atagatactg gagaagaac aaaattgut aacccagaag atgitgccag480
 acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgtttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
 ваататттся автасадтаа тдавадтава дсадатсстд ддсадвадст ссадтдатсс360
 tgttgcttac tcagaaatg aagagattgt tggattggca gcaaacaaa gtagaataag300
                                                                         ς
 {\sf resddsfddc} caddcfddfd fdaffdcss fasfdccddf dsccdsdffs cfccsdcfdf{\sf fg}
 craccresed acadecerca dearrescer adacraced cerecrated radecares ergo
 raddeadeed draderdred erdreddddd aeceerear reerdeeder deedreerigto
```

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
|--|----|
| (iii) HYPOTHETISÇH: NEIN | 5 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56 | 20 |
| gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60 agatggggac agtgatacca ccagcaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120 cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180 ttgctgagag agtggaacat aggtcctaga cagggtgaag agttctggca cattttagct240 gctactttga gacctcggtg atgttacctg gtgtggtcat cccatcttgt cctgtttaa300 ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360 | 25 |
| ttgggaagce tcaccttcag acccagtaac tgtccgcage tgtctgctag tggttgtctt420 aacatcgtag tcctagtttg catttttaa atcccctctg tttaaaaggt ttgtaaaaca480 aaaacaaaaa actaagtctg ctcagtgaaa tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540 agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctggtgtct600 gggttatagg cctgatggge ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtcc660 tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720 | 30 |
| tgtgccctct tgttttaggc ctcgtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780 gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttgtt aagttttaaa aaaaaaaaa840 aaaaaaaaaa a 851 | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57: | 40 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1354 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 55 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 60 |
| | 65 |

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

```
saaggagag ggaagaaga ggagaagca agga
acacttaata aaaaatttt ttttgtaaa ggaaaaaa aagaagaga aaaagaggl320
tetttyttyt atetataaat atytaaaaa tatttaaata yatytaeety tittyettell860
atattggetg titcaaaata gtactatiet ttaaactigt aattitiget aagttattgl200
tractitit tygaaataa acteacigat tatygataaa atygaatat ticagatactli40
tetyataaat ettyyeayaa atetaaaaa aaaaceatat tttteacaay aaaatyeaay1080
aggtaaaaa agttotoaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
daaytaaaga titagaatic acctaagicc aaaggaaac acgtggtit taaagccatt 960
aacccaaaac totcaatotg attfgtttt gttatgtog atgccctgta gtttgaaagt 900
dfacaccaty geottecacc cayccaygya gaaggtott cyctcaytat gaagaaagc 840
tttctttcag tgtggctgct ttggcttggt gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
acagacgttg teceteagga agaeaceata caatettgga tteatgeaga acetggeaga 720
cfffctgggc cfgaccfccc atgagagat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
ageaactite catticteat ggicaacati titatiatia aateaactet ticagatige 600
atggactiac ctcaatcaga tigiggcctg ttccccttgg gtittatata tcttgatgct 540
statggator tteatetatt tgteeagtea ttgtgeeaea aeatteaaag aagatggatt 480
caaccatcac tattacatat tettettytt tttcctttcc atggtatgtg getggattat 420
cracrarata acroarsed secretored corarades adsodatace readrified 360
attitytaca tcatytctia taaygaaycc attaayytca ctccactycc atytatycaa 300
адагавава ваадтдавта тсатсассст тдсадаваст ддстстстуу асттсадавс 240
ctrictatac tittictata agactigggc aactgatoca ggcttcacta aggcttctga 180
                                                                       01
attittect gatttagcag gagcccttt ctatttcagt ttcatttca gcatagtagc 120
ctraceasea geottectge taagttetgt tittiggata titatgaett ggiteatett 60
                       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57
                                                                       ς
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 268 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKULTYP: sus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (III) HYPOTHETISCH: NEIN
- oc (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
- (VII) SONSTIGE HERKUNFT:
- (x!) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO: 28

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59: | |
|---|----|
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 752 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 15 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59 | 30 |
| tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60 tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120 ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180 caaaaaagaa cttcacaatt ctcccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240 aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tcctcagatg agagtttatc300 cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360 | 35 |
| tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420 accaatgaaa tgttcaaatg aggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480 ataaattttt agatggcgtt caggaagtgg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540 gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600 agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660 aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720 tttcacttcc tctttacatt tcaaatcctg ta | 40 |
| _ | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 50 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 60 |

```
59
                                                       (vi) HERKUNFT:
                                                 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                           09
                                             (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                          hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                           SS
                                            (D) TOPOLOGIE: linear
                                                (C) STRANG: einzel
                                              (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                           05
                                        (A) LANGE: 726 Basenpaare
                                      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:
ggitctcata tcagagicat cattiticti cctgiggaat aaaatgccit giggacticc1380
tetggttete tattatgtaa acactattae agteaccagt gigtgaagae tettgagtet1320
tgtaagtatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaatal260
tgictigcig cttggtgggt gctcatcgca atgitcigaa ggctccaggg ccacttgttl200
tyggcctggt cactacacag tygaaaacag acaagcggcc ccttccccaa atcccaagagll40
dergregerg etectetatg eteaetgaag ggtgageeag geeagtgett eeceageeecl1080
atateceasag etacceagte cettgacees geacagting cegaceegig teactecetglo20
टबटबटबर्वाट वेरटाटार्वबर्व बबब्रेडबडबर बबब्रवेवेबबट वेबवेडबबर्ट वेवेवेटबबर्ट वेवेवेडबवेर वेह
agccagcaat gcctaagact ttgttaagat catttctact gcttttctt ctgcttcaaa 900
gaggaaacag gecetgecee tggeteetta aatgeceegt etetttgtaa actgatatte 840
ggitteaggg geatitgaea tecectectg gitteteacea ggaaacate caaagetitg 780
gagetgetee aetteteage tetecectge cetgeageee tgggeeagae aaggeeagaa 720
ваватддват ссавадасса сстадддсуу учетинге возарудан учету бассаястус боо
atctcctdtg attgcacaac caagcactt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
tyticagaty coccocting getectites aattitaate agetetitaa atagetycee 540
сгавадавад\epsilon гвасгасада сгасссгага адсгадгасг гсвададава гссвававад \epsilon_{80}
tragtgttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggttc tcagacctga 420
gagocttota teacettotg gaacaagte actigaaate tettgatgag attaaggagt 360
octgagatea tgatetetta aaagatgaga eteteggaag ggttgattgt atgegteagt 300
decreected fraceaced seaggfity offytytt tyteateay taacetacty 240
aagatggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cototgcagc ttoctcctca 180
tagtttgtgt gtgtcttgct gggggggtggt gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
विषयदादद्वत्वय राजवार्वव्यय वर्षात्रव्यय वर्षात्रविद्वार राजव्यवद्वद्वय व्यवराजविद्वर व्यवराजविद्वर १००
                        (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO: 60
                                                                            51
                                       (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                            (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                            01
                                                       (C) ORGAN:
                                       (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                       (^!) HERKUNFT:
                                                 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                             (!!!) HYPOTHETISCH: NEIN
```

| (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | |
|--|----|
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61 | 10 |
| cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgttagg gccacgcctg cggcgctgct 60 | 10 |
| ggttgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccacctal20 gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgac180 ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt tactggctta240 caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300 gaatatatag atcaaggtcg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggct360 ctagctaaaa atgagcaagt taaaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420 | 15 |
| ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480 ggggaggatc accegcettc ttaaccagct caccetccet gtgtgaagat cccetgggac540 tgcgatgcgg cgtgaggctg ggactgcgag tgctgacgcc accttcctgc tgaggtggga600 ctgggccctg gacacacccc tcagcccctc tgtcctcatt gtttggcctc atgggaccga660 ggggctggag gagaggcgga gtgtgcccaa gggttcaaga ggttgtttgg ggtgaaatgg720 | 20 |
| gtttgt 726 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 681 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 30 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 40 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 45 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62 | 55 |
| ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60 gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120 | |
| agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgaggg agttcaggta180 ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gtagccaggg ctggtgctta240 aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300 gcctggtttg atctcatctc acctggattc aaagggtaag gtgggcatgg gtcttgggcc360 | 60 |
| tgacacccae caaggatgae etgtggactg ccateggatg etgaacagg agatgaaagg420 aggteetett accataccce tetgecaace ecceagtagg ecaetgttet gactttgttt480 ecagaatate cagaaateca aaggggetgt tgetgaacag tetgeaggae cagtgacage540 acctacctgt tgteccaagg catacaaagg aggeetcaac getcatgett etetaatcaa600 geettaccaa gacagacaga aaaggaaggg gtagaaggaga agettgaage tgtggagtta660 gactetgett catteetgaa g | 65 |

```
(A) LÄNGE: 226 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                         SS
                                (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:
9TIT
                              деааттте саасстіті іттававав ававав
ttgtatctaa toctggaata cagtttaatt aattattott agtgottaag gottcataaal080
taggasattt catggtotta cotacaataa ottttattit ggaattgaac tattattaaal020
tasatatggg ttcctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgattaa aatcaagtgt 960
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
asyatacaca acttytttct tayttcatat aatctcyyyy acacacatac gtatacacac 840
ccacacytty asaycattta taaatccaay totyaaacto tycyctotay tactyctytt 780
cagicotyay aaaaactica ggititgaaa atcagatgat gicticicci titocaaaca 720
gatgaacaat taaggggaaa agetteeett tteeetetgt ggeagttacg attttgaett 660
teattocaat ettetaatta cagtggttee tatetetaggg atactggaet ttetgaegea 600
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
cattactgaa acgtottggt gotgoosago attaggttgg aagatgoaaa gtttatacot 480
asattoagtg ggagacaagg ttatttoatg aagatggaga atgotgggtt tatgatgaac 420
аадсааадса саддсттдаа дааадасааа дадсадаадс ссдадааадд ааддадаадд 360
gcagcotttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
                                                                         SE
ctttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtcttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
addocesest gageagatte tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtattte 60
                                                                         30
                       (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                         52
                                                     (C) ORGAN:
                                      (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                         51
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                        10
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Nukleinsäure
                                     (A) LANGE: 1116 Basenpaare
                                                                        ς
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:
```

59

09

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(B) TYP: Mukleinsäure

| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 5 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64 | 20 |
| aacagttggg aggttcttag ctctttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60 agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120 ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccata180 ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggta aaactt 226 | 25 |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65: | 30 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 806 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 45 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 43 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 50 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65 | |
| tecaaggget etttagteet tectaageee cacagtaett teeegtagte etgaggettg 60 ggaceteetg gggttettae etteeeteee cattgetgag acagtetgag aagaggetta120 ggaatttgte tgtgggagtt tatteatetg teteteetat ttaeetetee caaaceagga180 ttteeaette teaaacetge tgtgatetea caactggagg gaggaagtga getgggggge240 | 60 |
| | 65 |

```
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                                                                                                                                        59
                                                                                                                                         hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                                                                                                                                                                        09
                                                                                                                                                  (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                                             (C) STRANG: einzel
                                                                                                                                                      (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                                                                                   (A) LANGE: 266 Basenpaare
                                                                                                                                                                                                                                                        ςς
                                                                                                                            (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                                             (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:
                                                                                                                                                                                                                                                        05
   ocadarctac aattgatgaa toctaaagt atttctacaa agttccgtta ttcagttttc240
   derdysass tittatitas geatecgtit giagaagaat etetaatge egittiteat180
   tasasttttt ttootttotg gtataattat tgatotoott otagaagtoo tgtogtotttllo
                                                                                                                                                                                                                                                       SÞ
   дарадания предрамного вотатрудов водобратания под под боль в под в
                                                                               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66
                                                                                                                                                                                                                                                       07
                                                                                                                             (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                                                               (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                     (C) ORGAN:
                                                                                                                                                                                                                                                       SE
                                                                                                                                (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                                                                    (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                                                (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                                                                                                                                                                                       30
                                                                                                                                                   (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                        hergestellte partielle cDNA
                                                                                                                                                                                                                                                       52
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                                                                  (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                                            (C) STRANG: einzel
                                                                                                                                                      (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                                                                                   (A) LANGE: 241 Basenpaare
                                                                                                                            (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                                            (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:
                                                                                                                                          ttggcatcag agacttcaca gtgggg
   ddssssdccr tatcsdfdfr cgggfdfgg csaggcttc agcattaatg agaaattaat180
   ttaytagago cotttaggtg tgactotea ottattoaac catoaagaga acaacactga720
   acaaaactog tgaagcatga aataattaat totgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa60
   accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
   \mathfrak{d} adacaadoc codiddadda didiririr adicaaadir caacicata icadidicai\mathfrak{d}40
   cacpcadcad daaatataaa daaddadaad adcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
   gactiticoc aggaaacaga ctiticagaa goctototic tagagaaaca acaggaagtc420
   аатдаггда свааддаат дгагдаадда авададаагд гагсагггда астгсаадда360
   resterecese raderaceda escedacere esadacerece edecrases resdecrases por constructions of the contraction of
```

| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
|--|----|
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | : |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67 | 15 |
| gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caagggtgta cagagatggc ggcgggtttt 60 cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120 aaaacaaggt acctcaaagg tgttcggaag aagggtgttg aaaaaaaatcc agtgagttct180 actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtggggtaca aattat 226 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 151 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 25 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 45 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68 | 50 |
| ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccggtggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60 tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggtcccttc agccccctgg tagcctgtgg120 tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccggtgc t 151 | 5: |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69: | 6 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare | |
| (A) EANOE. 2042 Baschpaaro (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 6: |

```
caaayttggg catttttctc tctgttccct ctctttgaa aatgtaaaat aaaaccaaaal260
cattgasact tececeasat etgatggace tagaagtetg ettttgtace tgetgggeell200
aactgtagaa ttottootgt acgattgggg atataacggg ottoactaac ottooctaggll40
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
actitigcea tgagcetete tgagetigte tgitgetgaa atgetaetti ttaaaattta1020
addoddadfd adddosdosd cffdacfffg cadacatotg agosatagtt ctgttattto 960
сгагавитай гасгассия дидосиссодо сисстрасции дестоський достесний это
tectggttta tgttaccage aatgacacta eggtgetget acceecgtat gatgatgeea 840
acttgattag ctgtgtttgg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac toctotgatg 780
ctacctyttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact tttaagggtt 720
astacatacy gcaactgcct cotaatttc cotacagaa tgatgtcaty toagtgaato 660
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
tacggagogt acaagcaacg cgcagctgga teatcceatt ettetgttac cagatetttg 540
aacatgtgca ttgccattgc gatitctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
dateagtata actiticaag tictgaactg ggaggigact tigagiteat ggatgatgec 420
tygtatctga tcatcaatgc tytygtactg ttgattttat tyaytgccct ggctgatccg 360
tactccaaca getgetgett gtgetgecat gteegeacg geaceatect geteggegte 300
ನಿಂನಿಂನಿಂದ್ದೇ ನೆಂನಿಂಡ್ಕಾನಿಂ ನಿಂದಂನಿನಿಸಿದ್ದು ಕ್ರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ಕ್ಷಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕಾರಿ ನಿರಾಮಿಸಿಕ್ಕ
                                                                                                                                                                                                                                      52
адссадсядс вдеддедедд саддерссва дедаддеддр сдведереср двавасреде 180
ತ್ಕಂಡಿತಡಿಡತಡಿಡಿ ಆತಡಿಕಿಂದಾರ್ಪಡೆ ಡಿಕ್ಕಿಂಡ್ ಆರಾಜಕ್ಕಿಂಡಿಕ್ಕಾರ್ ಕ್ಷಾತ್ರಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕಾರ್ಡಿಕ್ಕ್
           дсядссадса ссррсадава двядадрясь вдсссадся ввасредава срерсададр
                                                                          (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69
                                                                                                                      (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                                                       (VII) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                                                                      SI
                                                                                                                                                                          (C) ORGAN:
                                                                                                                        (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                                                         (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                                                                                                                      01
                                                                                                                                                      (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                                                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                 hergestellte partielle cDNA
 (ii) MOLEKÜLTYP: sus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                        DE 188 18 970 V I
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

59

09

esagacaset tasaccasgy titoccaes cocasacas asaacatas asaacagusa1320 cgtttgcaat tasaccatg treaters graducaes cocasacat tocatecae cocasacat cocatecae cocasacat cocatecae cocagaca cocttasca catgatata asagattat cocatgaca cocatagaca coca

| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 147 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | t |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | ı |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70 | |
| ggaaagggga tecaggacat gaggggaeee tgteecatgg ggteecetge tetgeaacae 60 acaggtagte ecagtgetag cattggteta ggtaagggte aactgtgeet ttgtgeagtg120 gtgtgatete gggteattgg ggeteeg 147 | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71: | 35 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 143 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 50 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 55 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71 | |
| ggaaagggga tecaggggat gaggggacce tgtgccatgg ggtcccetge tgttcaacaa 60 aaaggtagte ceagtgetag cattggteta ggtaagggte aactgtgcct ttgtgcaatt120 gtgtgatetg gggtcattgg ggc | 65 |

(S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

```
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
```

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

59

ሰና

52

70

51

01

(C) ORGAN:

(VII) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

crcfdaddds arafadraaa aardcafad cacdfdcaar ffdcacddca dcafffcacc1860 saddicidot coaccatota adadeactdi titititit ditditditd tigitacogis800 dradasagas acticctasa titcctiasa accastasa agtaagacci gitgittiggli40 09 asatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac1620 grecticaa atectgrict caggaagaa actgecacta atteaticae actaaggigil560 gatocoatea getteceate ecceaceaga eagecaeagt acceteaett tetecetatii500 graggeasas titgtities atgeetgige eteageiget gieacaaata eccateitagl440 dictionate atticonder tecocosque contigion esagioted dictitaceq1380 SS caageteaca aataggagta geattetag gtggtagggt tgtgtaegga acceetgget1320 asatactigg aatatiticc agagicicia aactotoato ticococaca galacacatolla60 crescritta aacaactagg gigcigaag aacctiigic igagggiagi tcatagciggi200 adadatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattagli40 addsessigs screates gagascigt gatatget asganggig tgaggaggigs 05 racadasaty acceatece tycceaced asacteagay gtytygggg agactyacaclo20 cacaactoty tecaatteaa gyatyttat cygectotet tagatoctya ytgagacaaa 960 $\mathcal{L}_{\mathrm{ALCCC}}$ addadcceds resdssdss dsdccccfd rescacccdd dcrdcfrdf $\mathcal{L}_{\mathrm{ACC}}$ टबनविद्राह्न दर्गटनविन्द्रमें बनवेटनवेटनम् र्ट्येटटन्ट्र टटनवेटनवेटन टटनवेन्टवेट ६४० sadsaffcas gastascasa ascaguta accagggirg tgastotgag tacaccotgg 780adddscsacc ataagcaaga catgcccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720 ascaccasas atgatgtica grgaticatt taacatacac caatgtacti tggctggtgg 660 trectitict ggettgft titetgggae agtitagaat tgggaggeet atteteatag 600 treadsaty gitacctica gascatiga geigeatita teagageact atigetaagi 540 caddaagccc tgtggctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480 07 dagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420 racedcedra coerraect cocraerar cadedese caceceeed arracces 360 ट्रिकेवेतेत्तेत वेब्र्तेवेतेतेवचं टब्रेकेवेत्डचं प्रद्रिकेवेत्डचं ट्रिकेवेत्डचं टब्रेच्टिवेर्त ३०० dicoctagae aaagiggag tececeaea tgeceaagae caaateeete acteaacetg 240 crococtdda docadordat cotdraacgo tgotgaggt cagtorgago taccaagaot 180 attgagoctg aaggottcaa goccaagaat geaacaagac coccagocta catttotcag 120 agcagagita gccagaaatg cotoctgotg coccagoott agagagotco catotcaatc 60

| gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggtcttta gatgcacacc attaataaca192 ctatcttatc tcatagtttt ttcaggggtg cttcttyatt agtagggaat tttgaacacc198 | 0 |
|---|------------|
| totttaaata cagotagaaa ataaaaccaa tttgtaaago cacatttgca tatgatgcca204 | 0 0 - |
| gcctcacgca tttgtatatc tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgtcttt210 aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtcgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa216 | 0 <u>5</u> |
| acagagattt ccaattgctc ttttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt222 | 0 |
| tatgctgaaa tgtttataca ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct228 | 0 |
| tgcaacacat tttgatatat tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta234 | 0 |
| tcttttgcag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaaa ataatgtgct taagaagtgg240 | 0 10 |
| gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat246 | 0 |
| aattttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagtttttt tgcattttta252 | |
| tttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg258 | 0 |
| taaagtgtta aaatttacga taagtattet attggggagg aaaggtaact ctgatetcag264 | 0 |
| ttacagtttt tttttccttt ttaatttcat tattttgggt ttttggtttt tgcagtccta270 | 0 15 |
| tttatctgca gtcgtattaa gtcctattgc tagaataggt tactacaaaa aaggttatat276 | 0 |
| tctgaaagaa aaataactga cattatatat aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa282 | 0 |
| attacacact gagageatgt cetatgeaga catagatttt tetgtteatt tattttett288 | 0 |
| cattgcagtg gattgatttg ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat294 | |
| tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaa 298 | 0 20 |
| | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73: | |
| | 25 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | |
| (A) LÄNGE: 227 Basenpaare | |
| | |
| (B) TYP: Nukleinsäure | |
| (C) STRANG: einzel | 30 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierun | g |
| hergestellte partielle cDNA | 35 |
| Weigetome particular services | 33 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 40 |
| | |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (C) ORGAN: | |
| (C) ORGAN. | 45 |
| A STANDARD LIEDIZINETA | |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73 | |
| | |
| cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccattttgca 60 |) |
| ggtcatattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgtcctatgc ctttggggtt120 |) |
| tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattggttt gagagtcaag agagcattgg180 | 55 |
| ttttggaget ttaatecett tetggttgaa ataagggtgt caacttg 22° | |
| | |
| | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74: | 60 |
| • • | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | |
| (A) LÄNGE: 246 Basenpaare | |
| (B) TYP: Nukleinsäure | 16 |
| (B) II. NUMEHBAUIC | 65 |

DE 188 18 620 V I

| cggaagigta aaggitcoig colotocicg gecaggegga accicicige igggeecggi 60 geciggeage taccicgecol20 | S |
|--|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75 | 0 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | S |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 09 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | SI |
| (A) LÄNGE: 773 Basenpaare (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | SE |
| (2) ІИГОRМАТІОИ ÜBER SEQ ID ИО: 75: | |
| stadad desadacece cffcaaagg geagtaaga tttfgtaaa cgtggcatcc ataatttact240 gagaggecaca cffcaaggt tccatgtfga geagttgagt cataggcacc ataatttagt80 agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttaggggaa ggtagaacta120 ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60 | 0£ |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74 | |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | 07 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | S1 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | s |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| | |

| acceptose geograte gettgetget gecacegent ceteatette tgeceggeca240 acceptose tgatgtgea caaggagtte atgtgggee tgaaaaacgg300 agacttggat gaggtgaaag actatgtgge caagggagaa gatgtcaace ggacactaga360 aggtggaagg aaacetette attatgcage agattgtggg cagettgaaa teetggaatt420 tetgetgetg aaaggageag atattaatge tecagataaa cateatatta eteetettet480 gtetgetgte tatgagggte atgtteetg tgtgaaattg ettetgteaa agggtgetga540 taagactgtg aaaggeeag atggactgae egeetttgaa gecactgaea accaggeaat600 caaagetett eteeagtgat ggatggatgg actgataact eeggaagaat gaeteteetg660 tggeeteaca etgetgeetg tetgtetgte acteetate tgecagette tteagetaaa720 taetttaaga ggggtgaggg gagagagaaa tteataacaa ateegactae cag 773 | 5 |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76: | 15 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 293 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 35 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76 | 40 |
| gcaacgggca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60 atgttggttg caatcactgt gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggcaa120 actgctccta atttcccta cagagatgat gtcatgtcag tgaatctacc tgtttgggcc180 ttattattct tctgtttatt agcattaatc ttgactttta agggttaatt gatagctgtg240 | 45 |
| tttggactgc taaccgtaca atcaatggta gggactcctc tgatgtccgg ggt 293 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 870 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 65 |

DE 188 18 620 Y I

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78 | |
|--|-----|
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 09 |
| (vi) HERKUNFT: (C) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | SS |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (!!!) HYPOTHETISCH: NEIN | 05 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SÞ |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 237 Basenpaare (B) ТҮР: Nukleinsäure | 017 |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78: | |
| | 32 |
| agacycctic ccaagatigt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataga600 tigccagaaaa taacagatga gtgattgaaa cttcttctg atgagtttct ctaacctgcgcaga ggaagttgaa attaaaaaa tcactgagg720 gaaaggtcag gaaggtgtag tccttcaata ggaaattgta atgaaaaaa tcactgagg720 aaccagtttt atgtaatcg atttgaatgt tatagttgat aataaaaaaa aaccttactt840 agttgactaa aasaaccacg | 9€ |
| acacatigos titicigas acasargus acasasgia tacicitogo ataciggota300 espaguitgos titicigas acasargus tacicitos cagaguadas carigataga480 espaguitgos titicitas and atacigotas attacidas atticitas as as acquitos acagasgas atticitas and attacidas atticitas as as an acquitos acagasgas atticitas and accagasgia atticitas as as acquitos acagasgia atticitas as acquitos acagasgia atticitas as acquitos acagasgia atticitas as acquitos acagasgia atticitas acquitos acagasgia atticitas acquitos acagasgia acquitos acagasgia acagasgia acquitos acagasgia acagasgia acquitos acagasgia acagasgia acquitos acagasgia | 57 |
| paccoggogt ggctactag agaaggacgt acggtcctgc tagtagagga atatgtcgag 60 tttctctagg ggctactgc aatgggatcac tttctctagg gggattacat80 tattgctata atatggtatc acgggattacat80 tttctctagg gggattacatgc aatgggatcac atatggtatacatgc agagattacat80 tttctctatag gggattacacagggatcacagggatcacagggatcacaggatgacacaggatgacacaggatgacacaaggatgacacaaggatgacacaaggatgacacaaacacaagagatgacacaaacacaaagagacacaaacacaaagagatgacacaaacacaaagagaacacaaacacaaagagaacacaaagagaacacaaagagaacacaaaagaaaaaa | 70 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77 | S1 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (vi) HERKUNFT: (C) ORGANISMUS: MENSCH | 01 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | S |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |

| ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgajcccag cccggtcatc tacaaccyyc 60 ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120 gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180 gatttcttca accccaggga tcaatgaccc attcagcatg ccacaaagag gggtggc 237 | 5 |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79: | 10 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 439 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79 | |
| gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60 cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttggtt attaagatta120 ttaaaattag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaatta180 gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtcttct cagttttccc240 | 40 |
| cttaggatgg gacaagtetg tteagggggt cattetgtaa ggtteageag ggggtttggg300 agaggattta aggggaaata eagtggggge agaatgggtt egggggtaaa ggtaggggae360 aagggaggga gggegaaagg aggggtggaa ggatggggge ettacetaga tegggggatg420 eeggggggge aaggeaagg | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80: | 50 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 2483 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 65 |

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

01

ς

(xi) SEQUENZ-BESCHKEIBUNG: SEQ ID NO: 80

```
2483
                                          aatattttt atgatgataa aag
                                                                       ςς
tatacattyt gttttgtct ttatgctaty tacagagaa tytgataatt ttttataata2460
agagotttag gattotagta gatggatact gaatactcag gcccacttaa tttattaatg2400
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctggga2340
ctytyaacta, totttaaaac actayaaaa ayaaatytta ytatctcaat tacaccaact2280
atgtasatac ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaaata2220
tttgcagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac2160
gacagigaca titcitaatg gigggagicc agcicaigca titcigatta tacaaaacag2100
atygitated asgotoaact attititgt ggattcagt tittatcatc agaagtccta2040
tyttyaattt gacatttyty tytaatttea tygiggeeta gigttytygg gettetggtal980
ctggcatata gaaaaaagg aggatititc tgcatigtaa aataatcagt atggiitata1920
actottacaa gatagtaggo tttgagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa1860
teattggcaa gaggaagaac tggtgttttg aaagcagtat ggattettta aatgeetel800
ggcatttttc tattttcccc acaaattatt tcaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatgl740
asasatgasa gaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagagggaa gcagaaggcal680
дагагаетс дааддусудс адассадууд дусудагтас тоггададаа даадааагдд1620
tigicactya gagataatga atgacaccty aaatgcatat gytatitity gyagagitaal560
ttaagcaaat agcctggacg taagagatte teatgceage atgettteat ttgtcagttg1500
ttactaatte teaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt1440
tattitigat atatitaaty ataticicia caciccagea ttaatatgic igittaaaaa1380
tttctctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca ttttctaggc ttaaaagatal320
ggaaaacta gtgttaggga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggcl260
gocsaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt1200
ttgagtgaat tgttagatgt gcactgaact cgggatgttg gggattggag agagagattll40
atyctyctt tettytteae tttacaeaet aaytaaacae ttattyteay ytycetaytel080
arcaactat glaaaact agaaggaagg ctcctctgat aaaacacag ctcctttatt1020
aaacatttta ttcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
aatgetgetg actaaaataa ggittactet gaaagagag gaattitatt caaagcatte 900
tatytyyytta caaatataty topatytaca titigaacat atitatytyo tatyyaayya 840
tattggtgtc agaataccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
gatggtggtt agcagtttca ctaagactga tattttaggc ctcttgttca catcaaaga 720
gasataagcc teagttttec atetgtttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
gatggccagc tecttatitt ttaatgtaga ataactectg agtitatate aaatectgaa 600
aggaatggag cetgtttctg tgacccagga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
tylttcctcc aaaacaaacy acaycaacya aaactcctta atcayaacac tyatccaaty 480
rescaddare asadeddare tacaccade cedefeced aardefeded edegacee 420
caagicagoc ticaaacatt atcagaigag cicigaggot gaigaciggi giatoccaag 300
ttocococtt ttottttagg ctttgtotto tgagtotata gaaaactto cagtttttaa 240
ttttgagtaa taacttcaag tgcaattat gccatgcata atttctttgg tctcatgttt 180
ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
                                                                      51
дсяявадьсь говаястагь дадавадс сагадасьда дедоаддсяс садьдодсьс 60
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 202 Basenpaare 65 (B) TYP: Nukleinsäure

| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
|--|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | ; |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 10 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 1. |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 2 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81 | |
| aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60 tctgctacgg actttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120 aaaaaatagt gtttaacttc tqqqqaaaca aqgtgaataa qqaaqgaaat gcaggcatgg180 | 2. |
| aagttatagg gcactacatg ac 202 | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 353 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 3: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 4 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 5 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | Š |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82 | 6 |
| ggtggtgggg gggggggtgt tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60 cctcagtcat tagggtttct taataaaaaa gaggttgtat ttttgacttg gttattaagg120 ttattaaaat tagcccttcc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180 | 6 |

```
(A) LÄNGE: 270 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                         09
                                (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:
6EOT
                                                 ддсяяводга дадаяграг
cttcccaaa actggccaca gataggctgg ccatgggaag ggtctttgga tttcgggggal020
гросгаваес сатсатства дугувсядая саучуствую ватарусать тесстины 960
teasagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgcctctggc 900
ttoagaaggo otttootgig tgagacccac atatttaac ottttgotoc tatoccattt 840
tytcacctya gacccaaccc ctayctyggc caactccayt gaattcaccc atttttcttc 780
tttgaagacc ccactgccac ctttatggac tggccccttt gagtctgaat ccccggcctc 720
agtottatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagtaggo ttctggaata gaaacagtgg 660
ttottaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaa actttttcct 600
attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
tatccacccc atcccagact cocaecccag ggattgcccg tgaagacttt ggcctagcaa 480
cctgtggact gatgccccag ggattcccac cccacttctg caaccccagg tatccttcat 420
graccosagg crastatas tragasatat caccocrasa gocatogota gocococacot 360
derecessor saggeggagg etgetggtgt gaggaceatg etgtgageag eagggeggag 300
gggatottgt taatacagot totaactcaa tagatotggg agatoctgca tttctaacaa 240
ctgoactcag aagtotgoag eggtocotca aaaaacttga ttgtgocata aaaatcactg 180
cttcggacag cttccccgtc caggettet aaccacact accccagggg tgccgcatte 120
eggggatase caaacacage tgittacggt ttetecetta acceatgett teataaacec 60
                                                                        Sε
                       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                        30
                                                     (C) ORGAN:
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                                                        57
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                        07
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                        SI
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                     (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
                                                                        01
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                               (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 83:
          tttggtcata gtattaaga gaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc
 cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgrct graatgctts atguagagag300
 ttagttgott catcagtacc acacttocag tttotatacc aagccagtot cctuagtttt240
```

(B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

| (II) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 3 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84 | 20 |
| gaacagttgg aagcttctta tctctttta gggtcttaac aaagaattt gttttattt 60 tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120 aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180 agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240 aattttcagt tcatataatg ttttcaggga 270 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85: | 20 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 330 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 50 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85 | 55 |
| agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60 tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120 aaggggcaga actagtttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180 tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgaggaagtt gttaatcaag ggcagtcgga240 tggatcaatg ggtaaatttt aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaacccgg300 atgttatttg gtcgggcaa ggttggaagg | 60 |
| argitating grogggocaa ggitggaagg 330 | 65 |

DE 18 18 620 V I

| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
|---|------------|
| (vi) НЕККПИЕТ: (C) ОКСРИІЗМПО: WENSCH (C) ОКСРИ: | 09 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | SS |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | os |
| (A) LÄNGE: 189 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SÞ |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | 0 7 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87: | |
| atttaagtat tttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60 aaccttatcl80 aagcaattca atcatgagtc cccaggaal20 aaatgagggt tctgtgactg gatctttatcl80 aaatgagggg ccaatgaggg gctacaaa accattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaa tgccaagggg gtgac 235 | 32 |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86 | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | 52 |
| (vi) HERKUNFT: (C) ОКСРИ: (C) ОКСРИ: | 50 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | \$1 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (A) LÄNGE: 235 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | S |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86. | |

(xi) SEGNENZ-BESCHKEIBUNG: SEQ ID NO: 87

| gggaggettt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattet aattgttaac eecagaagaa 60 ggtaatttag ettgtattta attaaaaaee ettaggeegt taettatate tggtagaatt120 eeagtgatea geetaataag gtatatttea gaataatttt ttttteette agaataaett180 agaateaga 189 | |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 866 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 1 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 2 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 2 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 3 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88 | 3 |
| caggaccage etggecaaca tggeaaaace etgtetetae taaaaagtaa aaaaaattag 60 eegggeatgg tggettgtge ttgtagteee aetteagtet aagtagetgg gactacagge120 aegtgecaca ageccageta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gecatattge180 eeaggetegt ettgaacace ggggeteaag gaatetgeee atettegeet eecaaagtte240 tgagatagea ggtgtgagte ateatgeeea geeteettga agtttactaa eaattgggat300 | 4 |
| aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360 ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggctgtct420 tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttctttca ctacctttct480 tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540 tgtgcgtcac caagtaatct ggttcatctt tcgtctcatt catgttattt tcaagtgaaa600 | 4. |
| caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660 ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720 agaagaaatg aaagcctggt gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780 cttgtaaaat aaataattgc attgtatatc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840 ttttagaatt tttaaatacc aactat | 5 |
| | 5. |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 224 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 6 |
| | 6: |

| aggaaggat gagacageat eccetaggac diteagtac catecetagi etccactete240 eccettagecaga aacaacate gaagtaaggaat eccettagecete aacaacaga eccettagecete aacagaaata gaagtaaggaat eccettagecete aacagaaata aacattitita120 eccettagecete aacagaaaa aacattitita120 eccettagecete aacagaaata eccettagecete aacagaaact eo | \$9 09 |
|--|----------------|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90 | |
| (Ai) SONSTIGE HERKUNFT: | ss |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | os |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | SÞ |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 01⁄2 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 846 Basenpaare (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE. |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90: | |
| | 30 |
| agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggatttg tgtgatgttt 60 agacattggag gtcttaaca gasatagata agactttgcal20 ggccaggaca tcatagctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagcaal80 gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact 224 | 30 |
| adaccedgu crataactu tretutaea guaagutag taaatagata agcattigaal20 gucagacca tetetucigt gatgaeteeg etetagettg gtaaaagaaa agcagecatal80 gacaatatgt aaacaaatga teetutgaea gucaagutag taaatagata agactttgcal20 | |
| agcagtigga agcitctiat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattitg tgtgatgttt 60 agaccaggt ctataactig tactgtgac ggccaggtag taaatagaaa agcattgcal20 ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccatal gacaatatta gacaatat gacaat | |
| (A) BIBLIOTHEK: CDNA library (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agecagated asacasatgs geasggetgt gycetases asggattitg tgtgatgtt 60 agecagttgga agettettat gtettgggag ggtettases asggattitg tgtgatgtt 60 agecagategt asacasatgs geasggetgt gycetases asggattitg tgtgatgtt 60 ageageacta gtettgggag ggtettases asggattitg tgtgatgttt 60 ageageactat controller: CDNA library 224 224 | 52 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH (Ai) SOUSTIGE HERKUNFT: (Aii) SOUSTIGE HERKUN | 52 |
| (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: (vii) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agacastatgt asacasatgs gcasggctgt gtgccgatas agactttgcallo agacastatgt trattgggas agactttgcallo agacastatgt sagactttgcallo agacastatgt trattgggas agactttgcallo agacastatgt trattgggas agactttgcallo agacastatgt trattgggas agacatttgcallo agacastatgt sagastatgt sagastatgt sagastatgt trattgggas agacatttgcallo agacastatgt sagastatgt sagastatg | 52 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN (vi) PREMUNET: (vi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agosagtiggs agottotigt gatgactory clotagothy tasatagata agotttigally agosagtiggs agottotigt gatgactory clotagothy tasatagata agotttigally (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agosagtiggt aaacasatgs gosaggothy gatgasagasa agosagcatal80 agosagtiggt aaacasatgs gosaggothy gatgasagasa agosagcatal80 symmetry (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agosagtiggt aaacasatgs gosaggothy gatgasagasa agosagcatal80 symmetry (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agosagtiggt agottotigt gatgasagasa agosagcatal80 symmetry (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agosagtiggt agottotigt gatgasagasa agosagcatal80 symmetry (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 agosagtiggt agottotigt gatgasagasa agosagcatal80 symmetry (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89 symmetry (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N | 52 |
| hergestelle parielle cDNA (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (viii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiiiii) PATI-SENSE: NEIN (viiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiiii | 57 07 51 |

| ccattaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatttagtg qqatcaggt: ccagtcaata360 ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420 aggtgacgg gttcccttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480 agggaactcc gtcagctatg agttgggac ctggccctag actctgtggt tctaagaact540 tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctagatccct600 gccaaggttg gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtcc agacgaggtg ctctggctgg660 tccactctct aaggctggag aagggagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720 gtcccatccc ttcctccca actcctact tttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780 aggccctaaa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctgc ttttactccc tagtgtctct840 gcataa 846 | 5 |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91: | 15 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 223 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 35 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91 | 40 |
| ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60 ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccagggacag120 gggaggggat gggtgtggcc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180 gttctggatc ttggttgtgg tggtagttat gcaaggctac atg 223 | 45 |
| | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92: | |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 65 |

DE 188 18 970 V I

```
:NA5RO (3)
                                                                         (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                       (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                             09
                                                                                            (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                    (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                             ςς
                                                                              hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                                                             90
                                                                                    (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                          (C) STRANG: einzel
                                                                                      (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                           (A) LÄNGE: 761 Basenpaare
                                                                                                                                             SÞ
                                                                        (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                              (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:
                   tittattict actatgagg cottgtaata aattictaaa goototgaaa aaaa
T3.14
dffactigca ctigitatic gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atalctatal320
derdasadrig etergraces arganetece agririgedas tratagagae aateratirilloo
scrrddfidd focffdford cscocrodsc sadsossa frfdddsorf dddsdordddT500
cfdcssdccc csccccccc dsdscrddsd ccddcdfccd csfscdsdsd scffddffdsll40
ctdccdcctr ccccatcacd dadddrccad actdrccact cdddddrdda dtdadactdalo80 \,
sdscsddscc cccdssdccd sddccfcddd sfddsdcsds sdccddsdcd dcddddcscdT050
ತರಿತರ್ಶ್ವೇದಿ ಚಾರ್ವದ ಚಿತ್ರದ ಕ್ಷಣ್ಣ ಕ್ಷಣ್ಣ ಚಿತ್ರದ ಚಿತ
carradadec raesdeddes deddedda edeedddded raescaddac 000
\mathcal{L}_{\mathrm{CCCCCCG}} coesaccccc coascccacq addaccatcq qqqqcaqaqt \mathcal{B}_{\mathrm{T}}
gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaasaata caataaatat ttgaaccccc 780
ccddddcsac saccadtddd tecectaeat etetteag gaacgetgag gecetteeca 720
teacacggae geotggaaga geeacggett ggtggaggtg geeagetaet gegaagaaag 660
ддссдвявес свяддсвесь ссявидсеся внасордся рарстесству говодаваес 600
                                                                                                                                              57
cdscsfcssc sfcdfdcddd fdfcdddcsf dcdcsdcfcc fdddsdddcc 240
agagga<u>tgac</u> ategecetge aaatecacte cacgeteate cagtecttet getgtgacaa 480
dridatgaat giggaccag acagogigg colotool tiggacaitg acgagagga 420
deffffddfd deedefesde deesddsfed eefesesdfd ddddfdfsed sdfeddess 3e0
ರ್ಡಿಂಡ್ಕಡಿಡಿಂಡಿ ಕಡೆಂಡಿತಂತತಂಡಿ ರಡಿಕೆಂಡಲಿತುತ್ತ ಡಿತ್ಕಡಿಂತಡಿತಂಡಿ ಡ್ಕಡಿತಂಡಿಂಡಿ ರಡಿಕ್ಕಡಿಡಿತಡಿತ್ತು 300
                                                                                                                                              07
रवेवेवेवेबटावेट टवेरवेवेबवेटटवे टबरटटबटावेर वेवेबराबरबबर रवेटबबटबरवेब टवेटरवेवेबववेब ८४०
αλολοκοτεά οκοκλελάλα αλλεκτιλάλα οκοκοκλάος ολαφτέτησε αθείτετος 180
rdcssrstar fiffccgcct fifctggaag gatticgctg citcccgaag gictiggacg 120
cdssagcdic ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
                                             (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92
                                                                        (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                                                                                              01
                                                                                  (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                        (C) ORGAN:
                                                                         (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                                                              ς
                                                                                                        (vi) HERKUNFT:
                                                                                            (iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93 | 5 |
| gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60 gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga120 ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180 cagcccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240 gcccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgc300 | 10 |
| aacaccaacc gccccagccc tggcgggac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat360 tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420 tggacactac acccagcaat agagacgga ctgcggagga aggaggaccc aggacaggat480 ccaggccggc ttgccacacc cccacccct aggacttatt cccgctgact gagtctctga540 ggggctacca ggaaagcgc tccaacccta gcaaaagtgc aagatggga gtgagaggct600 | 15 |
| gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660 gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94: | 25 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1825 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 45 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94 | 50 |
| agggaageta gtageggace ggaagtgagg cacceteggg etegagacag eggegaegtt 60 taaagetgag egacecagtg ecaetggaga eggteagett etecaeteag geteeteeag 120 eeegageeag aagaceceet eeeceagaat tetgggggee gatggaaggg ageegagtea 180 gategegagg tacceagage egacagaeeg gagegaeagg gagttgeeag aageeeegee 240 | 55 |
| cctaggagtg ateggaaage etcacecate egggtgagga acceggagga eegecteegg 300 geggagegee gaceatgget acgeeetgg tggegggtee egeageteta egettegeeg 360 eegegggetag etggeaggtt gtgegggae getgetgga acatttteeg egagtaetgg 420 agtttetgeg atetetgege getgttgeee etggettggt tegetacegg caceaegaae 480 geetttgtat gggeetaaag geeaaggtgg tggtggaget gateetgeag ggeeggeett 540 gggeecaagt eetgaaagee etgaateaee acttteeaga atetggaeet atagtgeggg 600 | 60 |
| atcccaaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660 agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctcgaagctg caggaacttg 720 | 65 |

```
catcaggaca ctoccaagge cocggetetg aacaagacet tttogtttot tggaaaagag 660
coscoced adecadasco cedadoaeca sascadasa dosadacaca aedaecass eag
radicaddea deceacace acceedaed decaceace taaddeeaca edifddeeat 540
\mathcal{L}_{\text{COS}} coordesder rarcoress adcessass criciaccic cosaddrosc \mathcal{L}_{\text{RO}}
\partial \partial \partial f \mathcal{L} \partial \partial G scalafice deschade coesadeedd ddesdfeeed sfrefdesfs 450
sagogicogg ageseatag atotgaage tigaaggigt cotgiggeaa gigiggeaat 360
tatgcacact cgtctccatg gccggcgttc accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
desccrddcd rfrecdrdtd rdcceedrdf ddcrefdedc rdfrcfcced ccdcrcdeed 540
recodended cestarearr erdesderre recoddaded addrirecs dasteserr 180
                                                                                                                                    ςς
εσεσάδεαλε ελεσάλλεελ λεσάςερελ λεσαλεβάς σλελασσάς λεγαλίας γεσεπαθείας γεσεπαθείας γεσεπαθείας γεσεπαθείας γε
Επιποπογεία γεσεπαθεία γεσαλεία γεσαλεία γεσαλεία γεσεπαθεία γεσαλεία γεσαλεία γεσαλεία γεσαλεία γεσαλεία γεσα
       ccdddarred cccrccddd sdcdarrddr ccrcdddadd ddcddddadd rddacdcddd
                                           (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO: 95
                                                                                                                                    os
                                                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                             (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                                    SÞ
                                                                                                 (C) ORGAN:
                                                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                                 (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                                    0⊅
                                                                                      (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                                     Sε
                                                                         hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                               (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                                     O£
                                                                                     (C) STRANG: einzel
                                                                                 (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                     (A) LANGE: 1374 Basenpaare
                                                                   (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                                                                     52
                                                          (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 95:
                                                                             aattaaactt tggatttgtt aaaaa
agiggaagic caggotigga tigoctaact acactgotaa aaatatiigt aatoottaat1800
atgetetetg taetetagte teetgeetee teagetetge aagtagttta gtaggaatgal740
ccatacctyt ttcttcctyt gactytagag acayttctag acctttytga tagaactaaal680
caaayitiga caccitgata cocactoto gigaatacot acccottot ggccacggig200
ट्रवेड्वेडवेडेड डवेडडडड्वेडेट टडवेवेवेवेडडे वेडडडवेडड्ट ट्रिवेडडडड ट्रिट्डवेडडवेड्डिट
                                                                                                                                     SI
cadiditios tocatotota igradotoca teatiaceat aggggactig gittiagaciis00
derradarra craestadae ecoetadae rateatra secreciada decadasadelidio
ададавададс гсгавадад высссадгу всгисстус сасададсав выудадавти1380
tagocatggg cacaagagca gootocactg ggaagtotaa gagtocatgo cagacoctggl320
                                                                                                                                     01
caacccaggt catatotaag cotgagaga aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
adadadaces raadaadede eccaeadres racraffice errradaar ereggeration
dacacticas toiggococt ctaggocgac gaagagitea gioceaatgg goctocactall40
cradescees refrected gasceatett easygacges eccagaacet ctagetggeel080
васадаятся тестсадсая свандаетья светссаем тесестусся вандесандство
tddddtddor doffcosdad fdofofdffa ofdaofosdf daacofddof dadocosfdd t00
ddatycaycc tygaycctct atcacctctt ctcttyccty gayacaatat gytytygaca 900
{
m d}_{
m c}cedocadas desedacecção corresedas docacedes {
m d}_{
m c}cezacecçãos docacedas desecçãos corresedas {
m d}_{
m c}cezacecçãos docacedas desecçãos de {
m d}_{
m c}cezacecçãos de {
m d}_{
m c}cez
sacaadadea toddddaaccc fftefggctg ccarguaaaa getysffft gagtacffgf 780
```

arcatttyc tyayocccct yctcactcta ygygcayyc cyyyygyg cayccacat 720

| getggtetet gaatgacgtt acacceteae ettetttee tggeeetgee tetggaetet 840 ceeetgtgag geeaattee aagacagaet etegteetea eegaagetta ggeeeacate 900 teeeaggetg ettaggagae agaatggaaa eggäggeege eeetgeeage egeeetggee 960 etggteaetg etgggaagge aggetgatgg ggeaeaceet tggeeteteg teeaegaggg1080 gagaaaceta aaccetgtt eacaatetgt geggaagtag ettgeeteae teetgetag1140 gaaagegget gttgeteeat aactetaaee ageaeaggge tgaggeetge aggtegatga etgtgeagggggggggg | 5 |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96: | 15 |
| | 15 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 35 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96 | 40 |
| cttgggaage teetggatet ttgteaacet gaetgtgega ttetgtatet tgggaaaaga 60 gteettttat gaeacattee ataetgtgge tgaeatgatg tatttetgee agatgetgge 120 agttgtggaa actateaatg eageaattgg agteaetaeg teaeeggtge tgeettetet 180 gateeagett ettggaagaa attttattt gtttateate tttggeacea tggaagaaat 240 | 45 |
| gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgtgg agtgcaattg aaattttcag 300 gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggattgg aaggtgctca catggcttcg 360 ttacactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420 tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480 gaaaatcaaa gttagatttt cctttttct tcagattta cttataatga tatttttagg 540 | 50 |
| tttatacata aattttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600 gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaatctg 660 attcttacag ttttaccttc ttgaaccaat gtaaaagttt ttttaatgtt aaatgattaa 720 attctcagtg aggctatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780 ttgtagtact tgcatgacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttqtqtatt 840 | 55 |
| cagttaatga caccaaaagg ctcagcccac cccaacccta tctcatgttc agtctgtcta 900 atacatgcca gagatttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgta ctgacagttc 960 ttacagttga gatttgttct tttcagctat tgcttgtgaa aaaaagcaag actatgtcac1020 tctatagaag gctgttaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaaggggtt1080 acttgttaa tgggatggca ttgactttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140 acatttctaa gagtggggct agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaa1200 | 60 |
| catctattat gagtggggct agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaa1200 catctattat tatagtgctc agcagtgtgg gcattgaaga ggcgcagaat gctttgaaag1260 aaactaatca gaatcttgga acatcatgat catgccattc ttaagtaaat caactatttt1320 | 65 |

```
cdcddccdcd satttagtag tagtaggc
  casqatqtt tctatttcta aattaaaqta atttcaaaqt aaaaaaaaa aaaaqtcqa480
 dragasact cacadaatac asatttgcct gratgititg tgggtitt titticcttif20
  getgaataca tittggaaga gagtititea tettagagat tggtgaacaa gigigaggi360
 gattcattgg cttctttgtg anattgatcc atattcctat taataacatc attgttggtg300
 ctgatagasa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
 ttgagocaag toggcagttt gtaaaggact ccattoggct ggttaaaaga tgcactaaac180
  tycoctygo attitaggty toggitgggt aggeadteat ggateagta atgeagtitgl20
 driddesdss seceddsfic eddriceddi dddeereesf esdessdere esdracised 60
                                    (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97
                                                          (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                                                05
                                                                                  :NA5RO (C)
                                                          (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                  (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                St
                                                                         (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                    (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                07
                                                               hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                   (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                                                 Sε
                                                                        (C) STRANG: einzel
                                                                     (B) TYP: Mukleinsäure
                                                            (A) LÄNGE: 508 Basenpaare
                                                         (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                  (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:
                                                                                                                 57
                                                сватсявава вававдава ватадавдав вавад
5197
casacccctt tattgctgtc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
gotttgcagt agattatgot goatcotcgt ggcaaaatto tgtattotta gtgattgtta2520
tacttyttty tattyattte tyatattett geagetgact acgtytaatt gggeagatea2460
                                                                                                                 50
ctgatttott aaaaattogt tgcattgaag gatatttigc atgtotgtaa cacctgtcaa2400
treactgage ceasgatggs sacttggttt gacetaaaac atctgattaa tataggetag2340
ttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaggag actcaatgag ttaatactat2280
accaagtaaa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaag aatttaagga gtgatagctc2220
tttagadata cagttggcca ttgtaaaaa catcagtttc ctctcataca ttccaagtaa2160
secederder corresess darrrerd esdassere sessassids describess2100
ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cggggtgaac2040
gtggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcattctgc tgctgttcag1980
tagcagoctt coatctoctg cactggotga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtgal920
asatattaga gtaggocaaa cacacotoca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaa1860
задидаясяс адгагдгадд гсааастдус адгаасадгу гасадсстт дасааастад1800
acacacaca acacacacac acacacaca caac92740
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccaa accaaaccac1680
993cf993ef 993efcc 993efce993 993efce993e 993ef993e 993ef993e993ef993e993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993ef993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff993eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff933eff9
asasatasa asaattagot gggtgtgatg gcacacact gtttgtccca gctactcaag1560
cacredarde eaggadrea agaceager aggeaagea gragageee crateretacto
adoceddasf aradoroscs corarsarco cadosorred adecected aradasdosfiffo
caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gacaabaaty agattacaag trocaaactcl380
```

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98: | |
|--|----|
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 15 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98 | 30 |
| ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaag aaaagggaag ggaatcccat tttgtgatga 60 tttgggcaca ctacttgage tgaggctage agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120 aagcttttga agtaaggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggt 180 gagtttgage tttgagcttg tcttagaaaa taagactgte cacctgggga ggggagctta 240 tagggaaccc gtgttaactc agaatgctga agaaagtgct tttagccaac aaaagtaaga 300 ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360 | 35 |
| taggttteet ttggtttata tececagtte ttaatactaa aacttatttg actteetate 420 aggaageaca caaaaaaage gteatttaaa accetggata taggetttaa aggatacaaa 480 aacageagea ttgtegtttt geeaggttea teaceatttt gatgtgetae ecateettee 540 acceteett teetgeeece aageeteeca geeaggeeag atgtgaagat tetattaate 600 actgttteag agaacattaa ttettgtata gaataattat etactaaatt gettattate 660 tgtgactace ttgeagagaa cateteaaca gtgeagtaaa atagetetee tagaettgag 720 | 40 |
| cttccagcca ggcatttaga tcactcttaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaaagca 780 agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt agggtggggc 840 gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaatatt gcctgtgaat ccctttaaga 900 agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggtaag 960 | 45 |
| ctaaagcagt gacagateca egtageetet ttaaeetett tattatettg ecaaaaaaaaa1020 agttteteag gttaaaeett tgtetttaae etecetttgt tgtggagaaa atgtgteaet1080 aateagtggt ecaagggata tetagetttg gttaeteagt teetgeagea taaeagatat1140 gaettatgee agggaaggta gaggetgatt atggagaeae ecaggaaeag gaataagaag1200 ggataggtet geteeaegta gaaeeteeee agateggaag ttaagtettg gagagtttee1260 | 50 |
| aaagtgetga agtaaaaagg agaettggag ggeetttget taatgageaa gaggettgtg1320 teeteeeaag aacatgaggg agtteagaag ggagetatag eteacagaea gaaacetgee1380 egeteaeeee ateeetegtg aetgggagea tgtttgetea gaatttteta agaggaetet1440 eeetteaaaa ateeaatttg eteeeagaat gttgtttage etetgagaat eteaetettt1500 | 55 |
| catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcaggg atcagaaaca tcagagtcca1560 gggcccagtg gcatggtgtt gcattagtag ttagaaaagt aattggtcag ctctactgta1620 aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt | 60 |
| tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc1920 | |

```
(A) LANGE: 1218 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                        Sε
                               (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 99:
                                                                        O£
3588
                дедддаддда адддсагеда аагедгадде едгаагсегд гдссаассаа гааааассад3540
saacctytga gcctgccgtt cotttctatg tgttaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
raffaccout assactigac caccoccata toccactoot titigiasaa acaaatgott3420
rardarece deseradeda sesdaesee resecceed cescresed sassrarrarseo
totasagase aggecagees caestatase cetticecta etttactast giatecetta3300
tggtccagcc ccaggtttgg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttcctc3240
्टाट्रेसेसेसेट सेट्रेसेट्रिसेट इटास्ट्रेस्ट्रिसेट्रेसेसेस्ट्रेसेट्रेस्ट्रेस्ट्रेस्ट्रेस्ट्रेस्ट्रेस्ट्रेस्ट्रेस
radifition diffeortit chadagaga atdicated dottocted cacctecte3120
tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggt ccagagaagg cggaaggaaa3060
fforfaced creadaderd decrerees edidferres esdedieser saddssdaff3000
tttgtttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagtt caagctttc2940
ctatccagga tttaggagct acceaacctg tggttatatg gtgttggttt ccatttttg2880
cftgtgcggg ttataaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccccc aatccaaatg2820
ccssddssfd dfdcffdfsd ddsssdsdsd dfcsdffdfd dfccffsssc cfcffddcscS_160
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
tgittagaga gigitteat aatigiagaa agggatagaa aatggaataa ceaagagget2640
trotoateat taggicacot aatototigg gitgeagat gagageatat atagatotoc2580
ccagaactot gotgotgito atticcatoa ggaccacca ggaagcaaa taagitagcc5520
эсссядддве седроссорд дддавтовся седрадогов двогадастд стотатоссадубо
cdfaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
totagaggae aaaagtattt cttgtccctt ttccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
rdfrfccadd gaaccccdfg ggffgaggca aadtagcaa gatgfattga gffaagtfft2280
ttotococtt ttocaggtgt gecatecata tacaatotoc tottggccaa gttcaacaaa22220
arcadasagg trascatece tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgtgf0
cayottaagg gtttttaagt tttotoacga ttacotocac tocactcatc tactatcagc2100
ctotgaggag gcagtgaggc cccaccttgg tttgctccac tgtigtgcgt actotccaaa2340
coadcocca tttcaaagae tttgtettee atectateea atgaeatygt cagggatgggl990
```

- (I) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- hergestellte partielle cDNA
- (III) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

ςς

- oo (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- tggtggogtt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttggtttct 120 cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgtcaa gaggaaaaat tgatgggaca cttgggtgtt 120 gtattgtatg agtatttggg tgaaqaqtac cctgaaqtat tqqqcaqcat tcttqqaqca

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aagtacaaga gaattgtatt 300
 gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgeatats tatctgcasg asagtgsatg 360
 aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
 acagtcaaca catttggtta tattgcaaag gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
                                                                                   5
 cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag tttgtaccac tgtagcaata 540
 qctattgttg cagaaacatg ttcacccttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
 agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
 tatattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
 ttaatggata gagacettgt acacagacag acggetagtg cagtggtaca gcacatgtca 780
                                                                                   10
 cttggggttt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttgttgaa ctatgtatgg 840
 cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
 ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgttcac 960
 ccagcccgga aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattggttcc1020
 caggacgctc tcatagcaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
                                                                                  15
 atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtggtttat tttggtggtt1140
 aatgcccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tggtggtacc tttaaacatg1200
 cagatcagtg gtgactgg
                                                                                  20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:
  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
     (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
                                                                                  25
     (B) TYP: Nukleinsäure
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                  30
  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
     hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                  35
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  (vi) HERKUNFT:
                                                                                  40
     (A) ORGANISMUS: MENSCH
     (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                  45
     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100
                                                                                  50
gtgctcaaga agtgccttga gttggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
caggttttat tacaaaatgt aagtggtcac ttggcgattt tgtagtacat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgttag 180
agtgcacaac aaaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
                                                                                  55
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgttctgg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggccct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
                                                                                  60
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccccttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa tagggtgttt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttaa acttaaatta cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
attgtgtata taatgtttaa tatttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
                                                                                  65
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaatggt actgtattgt ttatatttgt 900
```

DE 188 18 620 Y I

```
tecqqacetc aaaqeeatga acceeettaa ageeaaqaea geetceetet ttgaqeaqaal440
                                                                                                                             59
tgacttgcgt cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgatl380
cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
gaaaaaaga catttotgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgatl260
taactggoga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgcl200
tyaagaaaac aaacayaaaa cagatyteca ttacagatet ttggatggtg aagggaatttll40
\frac{1}{2} deserged seafgaging catchactic saaggeings the cetypes \frac{1}{2}
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttggacgal020
ддагдггггс сосаададгг сддддссасс аддсссгссг ггсаасагса сассссддаа 960
aaggactttg cacagcacct tecageccaa cattteecag ggaaactte agatgtgggt 900
agaqoqqott gotottaca tocqqqqotq qtocotqaqo acqtqqaac 840
ctacagettg gatgaatttg aageeaacaa aateetgeac cageaceteg gggeeeetga 780
aggottocca caacccatco tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
σερεσερες εθερετεραθής εσουσερασθή εφερεσερασή εργετραβου της εργετραθούς εθου στης επιστραθούς επι
ttatgacacc tttacccggg atgaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
asaagteatt gaagaccgag ateactaeat tecesaeact eteaacceag tetttggcag 420
догосовдосс саддасався атддосстдту трассства втававатая састдддсая 360
attacctgac agogteceae aggaatgeae ggttaggatt tacattgtte gaggettaga 300
teggatetac ceteteggg atgaececag egigecages ceteceagae agtiteggga 240
ccdaddcsad tcggatgaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagtta agggctcctt 180
actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
      typasaatyc yyacaytata ttcayaaayy ctattccaay ctcaayatat ataattytya
                                                                                                                             01
                                       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101
                                                                (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                                            (C) ORGAN:
                                                                 (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                                            (vi) HERKUNFT:
                                                                                                                             30
                                                                                 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                                                                             52
                                                                      hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                                                                             07
                                                                          (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                                (C) STRANG: einzel
                                                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                 (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
                                                                                                                             51
                                                               (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                     (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:
                                                                                                                             01
                                      atacyttyya atyaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaa aaa
asataggasa tagaagagtg atgettatgt taagteetaa cactacagta gaagaatggal200
tttccccata agtttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatattcc aaaagaatgtl140
                                                                                                                             ς
tecatigasa tegaatgata etgagaagee tgtaaagagg agaaaaaae ataagetgig80
aggotttato agtgtaatot ctgcotttta agatatytan agaratgtr catataaltlllo
accocasata acatototo tactttotot tttcctytatt qcatttotoc aggattottt 960
```

| gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500 gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccaacgaga gyccagcagg1560 gaaggggcgg gacgaacca acatgaacc caagctggac ttaccaaatc gaccagaaac1620 ctccttcctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatcgtgt ggcgccgctt1680 taagtgggtc atcatcggct tgctgttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740 cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800 gcaaaggctt cattcaaga gtcatccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860 atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca ccccagtaga aggttacgcc atgtcaccga1920 gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980 atcatgttat caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100 | 5 |
|--|----|
| tctagacttc agcttttgga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160 gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220 gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgtatgg atgtcataaa2280 agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102: (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | 20 |
| (A) LÄNGE: 1377 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 40 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102 cattactgtt atatgagaaa cattttagta atttaataaa aggataatgt ttatttaaaa 60 aacctgactt ttccagagta attttgttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120 ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaattgtgt aaatacaatt gacataggaa 180 ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240 | 50 |
| agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcattcagt ctttcagaac 300 aaaaagacag tcatctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360 catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420 caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480 ataaacttct tgttcaaatt accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540 | 55 |
| atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600 cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtgca 660 tcagtaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtaggttt tccctgtagt 720 tcttccttta tagctttct tctgataacc atgacttcag gagctttaaa actatctatc 780 ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840 | 60 |
| atttgaggac tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900 tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960 | 65 |

```
59
                                            (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                         09
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                             (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                         SS
                                     (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:
 SIE
                                                     attgacaggc cattt
 aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300
 ttatttaatt tagaatgtta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
 cggggttaac caccactcct ttaggctact tgtagtgaca acagaagtaa aatatttcaal80
 gtgttggage aggaeaggea cttagttetg atgetgtggt ectttgtgat agtagageacl20
 staaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta teagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
                                                                         01
                      (XI) SEGUENZ-BESCHKEIBUNG: SEQ ID NO: 103
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                                                         Sε
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                     (C) ORGAN:
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                         52
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                         07
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                      (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
                                                                         S١
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:
                                                                         01
      ссвдсвдся тагвдагага гагдасвага адготратов свдадтв
cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtgtl320
gatttoaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260
ttagtcccca aattcagtgt tottcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttgl200
                                                                         ς
tacttgccta agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaagaall40
octtagagaa coagcoaaco aactototoa ttttasaagt gaaggattoa tagoacagat1050
acacaaaaat aagcotgtgt caaagatttt aaaateatgg aaagttaaaa totagaaagal020
```

| (iii) ANTI-SEN | NSE: NEIN | | | | | | |
|-----------------------------------|-----------|----------------------|------------|------------|--------------|-------------------|---|
| (vi) HERKUN (A) ORG (C) ORG | ANISMUS: | : MENSCH | | | | 5 | |
| (vii) SONSTIC (A) BIBLI | | JNFT: DNA library | | | | 10 | |
| (xi) SEQUEN | NZ-BESCH | REIBUNG: S | SEQ ID NO: | 104 | | | |
| , | | | | | | 15 | |
| atgatcatgc ca | - | | | - | | 60 | |
| aaaaaaccag ga | | | | | | | |
| gaatattagg to | | | | | | | |
| caactgaaca at | - | - | - | | | | |
| ttccagccag to | | | | | | | |
| agcccagttt to | ctcacgtgg | tttctagctt | cttcagactc | agcccaaatt | aggaagtgca 4 | 120 | |
| gaagcacatg at | | | | | | | |
| agggaagatt ta | | | - | _ | | | |
| taccetttea ac | | _ | | _ | | ,00 | |
| gggctgggta aa | | | | | | | |
| ctcagtggtt ac | | | | | | | |
| tatactgagt to | ggaagtgat | ttcagcacat | tcttttttag | tggagtgaaa | gttctgaagc 8 | 340 | |
| ccccttttaa ct | | | | | | | , |
| tgactgttgt ct | | | | | | | |
| ctttatcctg tt gggattttaa ag | | | | | | | |
| ttatgaaaga a | | | | - | | | |
| atctccttca as | | | | | | | į |
| gactggcctc ca | agattccag | ttatttttaa | aaagcaactt | accactaaat | ccttgagtct12 | 260 | |
| ccatagagta ad | | | | | | | |
| gaagagacta to | | | | | | | |
| catcctggag ac | | | | | | |) |
| ctgtgcctct ta taactataat at | | | | | | | |
| gagatgttgt gt | | | | | | | |
| gaggccaggc to | | | | | | | |
| gaactgtcaa ga | _ | | - | | | 15 | |
| aaacagtaat tt | | | | | | 300 | • |
| gatggacatg ta | | | | | | | |
| ggtgaccaca co | | | _ | | | | |
| tttgccaata ga | | | | | | 040 | |
| ccactgtgtt co | | | | | | |) |
| tgctgcgttg ad | | | | | | | |
| tatatgcaca gt | | • | • | - | - | | |
| caaattatta ta gtttaccact gt | | | | | | | |
| gggggcccgg ta | | aaaaaytaaa | aaggagggag | tygyaaaaaa | | 355 ⁵⁵ | Ś |
| gggggcccgg co | agee | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| (2) INFORMAT | TON ÜBEF | SEQ ID NO |): 105: | | | 60 |) |
| | | | | | | | |
| (i) SEQUEN | IZ CHARAI | KTERISTIK: | | | | | |
| | | Basenpaare | | | | | |
| | Nukleinsä | | | | | 65 | 5 |
| , , | | | | | | | |

```
hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                          09
                                            (D) TOPOLOGIE: linear
                                               (C) STRANG: einzel
                                             (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                         ςς
                                      (A) LÄNGE: 3751 Basenpaare
                                     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:
                                                  crarrecess dracerrar
tectgigetg ggtggacett ggacaaggeg etgeagtagg tgatggetga gagecettecl320
atagagoact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtctglloo
gacctgttaa togggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaal200
teagtgaaat aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggtall40
aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc1080
tottcasaty ccaccttctc aatttataac taaaatayty ttatctgact aattcctctg1020
atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaatattc 960
actylltty tactitacta atcillaaac talcaggaaa aaaaccaaaa ctltatacca 900
atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
gotagtitit tititiotic taaaaaatgi caggititia aaatcatita cottatiaaa 780
acattttta aataagggaa atatttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
tytocaytty aggeotcagg accaeggeat gattteatga cteegaagta tittacagaa 660
tyttaacagt gatotottto tttttttoat tottatatot tcattagtto atcataaato 600
gottoattte catgaagetg ttteaatata tteagtatae tttgteetta atgetgette 540
actititica actaccacty taatgataat ctiticicacy tatatacaty caacticity 480
agtttaactg totgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtgtttgtt 420
otatatatga tatgcagaag tcactttttt tatcaggctt tattctcctt acaaagccac 360
tegtagetaa atgttgattt acttataact agacgtetat gtgagaaat atatgtatac 300
                                                                         30
aggingtangg catgined aatalcaaat chitigatge tggacceaag agaggaaag 240
tttattoacc otggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
gatatotgtt aatatgotta tagtggtaag aaatggactt gaggtocoag gagatttoat 120
attoggoacg agoatgaaac atgotoattt tacotaacag taaacaagta tgttttgata 60
                                                                         57
                      (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105
                                     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                     (C) ORGAN:
                                      (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                         SI
                                                     (vi) HERKUNFT:
                                               (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                         ς
                                           (D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
```

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

| (iii) ANTI-SI | ENSE: NEIN | | | | | |
|--------------------------------|---------------------------|-------------|--------------------------|------------|----------------------------------|-----|
| (vi) HERKU (A) OR (C) OR | GANISMUS: | : MENSCH | | | | S |
| | TIGE HERKU BLIOTHEK: c | | | | | 10 |
| (vi) SEO! II | ENZ-BESCH | REIRLING: 9 | SEO ID NO: | 106 | | |
| (XI) SEQUI | | INCIDONO. | DEQ ID NO. | 100 | | 15 |
| gatcgcgagc | ggcctttgga | atctattgcg | caaaagaagt | ttcattttgg | ttacttagac 60 | |
| ctaagatcac | ttattaaaaa | tccttatttt | ctccaagccc | agcaaacgtt | gacttctggg 120 agtggaatcc 180 | |
| caaacctgaa | aacctgaaaa | agaactcage | accasegetty | acctatctat | agatagetgt 240 | |
| | | | | | agcaataaaa 300 | 20 |
| | | | | | ttatgccttt 360 | |
| actcttacat | ggaataaatt | cccaatgcat | atcctatgta | aaccataagt | gaagggaaat 420 | |
| aaacctcgtc | atgctccatg | ctgtgaggtg | tcctttggat | attctgtgat | gacagagaag 480 | |
| cctattttgt | tttgttttca | gcatctttct | ctgatgtacg | tttttaagga | ttttgtaaga 540 | 25 |
| | | | | | aatctcgtac 600 | 25 |
| tgtatcttac | tatgtccata | cagatgttac | aaatcgacag | ttttattctt | agactcatgt 660 tttttaattc 720 | |
| gatccaagct | gtatatacca | tacatataca | acceptan | tttggatgag | ctggtttata 780 | |
| tactaccac | gctataaaat | atgagtttct | tacatcctta | tcgaggaatt | gggttaggaa 840 | |
| aaaatacata | attotaaaac | tgagtttgct | gtattatact | ttttttctta | agtattagtt 900 | 30 |
| gtattactaa | tcatatotto | attaactgtc | tacttaaagt | caaggtacct | gtatttttaa 960 | |
| tccactaatt. | tttttttagt | tgggaaatag | atttcaggtc | ttttattaga | ctaacatttt1020 | |
| ttgagaagta | aaattgactt | catatacaaa | gcctgtaatt | ttaggcgaaa | tggaagcaga1080 | |
| aatctaggaa | gttgtgcttg | cttgtatgtt | gagtttggtc | tcagactaag | taatgcatca1140 | 35 |
| gaattcatct | gtttgaagcc | tgaaataatt | taggactctg | attcactgac | caaaagtcag1200 | 33 |
| tgttgcagag | atttctctac | cccgtatggt | attttgttag | attgttcaac | aggaagcaca1260 | |
| tgattgagaa | catcttggga | cagaccaaaa | ccactgacag | acggcaaggc | tcggcgattc1320 aaaattttgc1380 | |
| ctctctccct | caagtettae | aaatottato | ttotaaacct | ttgaggtgaa | ctattccact1440 | |
| gtcttgtaca | taggcatctt | attcactgca | ccctgtcaca | cccagcaccc | cccgccccgc1500 | 40 |
| acattatttg | aaagactggg | aatttaatgg | ttagggacag | taaatctact | tctttttcca1560 | |
| gggacgactg | tcccctctaa | agttaaagtc | aatacaagaa | aactgtctat | ttttagccta1620 | |
| aagtaaaggc | tgtgaagaaa | attcatttta | cattgggtag | acagtaaaaa | acaagtaaaa1680 | |
| taacttgaca | tgagcacctt | tagatccctt | cccctccatg | ggctttgggc | cacagaatga1740 | 45 |
| acctttgagg | cctgtaaagt | ggattgtaat | ttcctataag | ctgtaatagt | ggaggtattg1800 | 43 |
| | | | | | gaatgtcata1860 | |
| aattattcag | ataattaaca | ctgcatgaat | ctgattcaga | ggcatgcatt | tacatatgtt1920 tttagtaaca1980 | |
| gccccaacta | ttaaaaaaaat | attagacaata | ataattaaaa | aaaaaaaaa | aacaggtacc2040 | |
| aggttctgtg | totttocacc | aagtaattga | catgtttttt | gtttaataca | tgtggaccat2100 | 50 |
| gaacagtatt | cattctactt | tttcaaatga | tatgctgtag | aaaatattcc | ttgaagatgt2160 | |
| gagatttaaa | aatttttccc | tttcaatgtt | gttttaattg | tatttcttac | ttggtttttt2220 | |
| tgattgatag | cacagtgata | aatcataata | ctagacaaaa | ttgtcttctc | tttcaaacca2280 | |
| gagccatata | tatgtctgta | tatatgggac | ctactgcttc | tctgaggaaa | tgcataatct2340 | 55 |
| gttaatatca | gacaaaatga | gcaattggca | gtgctcataa | tatattccaa | tttttattgg2400 | - |
| aattttcgat | ggaatgttat | ttcaataaag | ccatgtaagg | tgaaactttg | ataacttttt2460 | |
| actcttcaag | ttagggtaaa | cagacatta | dtattCaatt | taactaaaa | ctcccacatg2520 ggttgaattc2580 | |
| cttgagaatt | tattttata | totaaatoao | yaaaaaytat aaatacttta | ctcaatttag | tttttaaaat2640 | |
| agtaaactga | atatttttat | tgtaagccta | tcagagtcaa | teetteattt | ggaattgttt2700 | 60 |
| tectatttt | ccttactata | aatcatttaa | aaactgaatt | cattttctta | gatggcataa2760 | |
| gtctgtctct | tgagaaataa | gtaaaatact | cctattttca | gtatctgtag | cacctgaaat2820 | |
| aggtctttgt | ataqccaqaa | acaagttatg | ttgaagttag | cttttctttg | tcaacagttt2880 | |
| tggacaataa | aaatctgaaa | gtattaacac | ttgattttct | actggggccc | ttcaaacttg2940 | 65 |
| gttggaagaa | attcaaccag | aatatctaca | ttagagtata | atcatgtgtg | gtaggaagat3000 | 0.5 |

```
(D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                                                        09
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                     (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                              (2) INFORMATION UBER SEO ID NO: 108:
ecgacgagae cagcacgtat tectegaage tgatggaeaa gcagacette tgetettece300
accecaacta ttgccgcage aaagggage agattgcget gaacgtggae ggggeetgcg240
                                                                        05
свдосвядат свадоссвяд свдовдавад гвдадостува дагадосвяс двсвосстда180
stotatytes gracoctyty ogtocagoot cyatyacota cyatyacatt cogcacototilo
сдереднось седерадары асодадары астрадста радерары баазадордт 60
                                                                        St
                      (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO: 107
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                        07
                                                    :NA5RO (C)
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                    (vi) HERKUNFT:
                                                                        Sε
                                              (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                        30
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                          (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                        52
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                      (A) LANGE: 300 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                        07
                              (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:
                                                                        SI
                                  6 555555555 555555555 555555555
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaa3720
atactagota otgititoci tocigigity gaagtaatga atcatigati atgigactiga60
aaccatotaa tgctataaag attttgttc ttcctgttca caaccagttg tataacagaa3600
tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc3540
atottataag attatoagat tittotaatg acacagaaat gtaagaaaa aatooctita3480
atttttaaa tagtacatat cattaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaa3420
catctgaaaa cettatetge tagacaatgt aagatteaca cagagttate tgggattetg3360
acatocatot ggatgitaat titgaagaig taaattatat gtigittaaa tititocagg3300
gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca tttagtgaca aaggattaaa3240
racaactdit titgcgacti tataggagg taaattigc tattactatt gaatacaaall180
Usititaaat totaaatyty titityagyta tygytscatt aattytaaty taasotattaily
ggactagita atcaagatit gitgicacit aaattitiig tgattititi ceagceagi3060
```

(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 5 |
|---|----|
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108 | |
| gecaacette cetececeaa ceetggggee geceeagggt teetgegeae tgeetgttee 60 teetgggtgt caetggeage cetgteette etagagggae tggaacetaa tteteetgag 120 getgagggag ggtggagggt eteaaggeaa egetggeece acgaeggagt gecaggagea 180 | 20 |
| ctaacagtac cettagettg ettteeteet eesteetttt tatttteaag tteettttta 240 ttteteettg egtaacaace ttetteeett etgeaceact geeegtaeee ttaecegeee 300 egeeacetee ttgetaeeee aetettgaaa eeacagetgt tggeagggte eeaggeteat 360 geeageetea teteetttet tgetageeee caaagggeet eeaggeaaca tggggggeee 420 agteagagag eeggeactet eagttgeeet etggttgagt tggggggeag etetggggge 480 | 25 |
| cytggettgt gecatggete tgetgaceca acaaacagag etgeagagee teaggagaga 540 ggtgageegg etgeagggga eaggaggeee eteceagaat ggggaagggt atecetggea 600 gagteteeeg gageagagtt eegatgeeet ggaageetgg gagagtgggg agagateeeg 660 gaaaaggaga geagtgetea eecaaaaaca gaagaageag eactetgtee tgeacetggt 720 | 30 |
| teccattaae gecaecteca aggatgaete egatgtgaea gaggtgatgt ggeaaceage 780 tettaggegt gggagaggee tacaggeeca aggatatggt gteegaatee aggatgetgg 840 agtttatetg etgtatagee aggteetgtt teaagaegtg aettteacea tgggteaggt 900 ggtgtetega gaaggeeaag gaaggeagga gaetetatte egatgtataa gaagtatgee 960 etcecaeceg gaeegggeet acaacagetg etatagegea ggtgtettee atttacaeca1020 | 35 |
| aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaagggcg aaacttaacc tctctccaca1080 tggaaccttc ctggggtttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg1140 gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaagagct gagtatataa aggagaggga1200 atgtgcagga acagaggcgt cttcctgggt ttggctcccc gttcctcact tttccctttt1260 cattcccacc ccctagactt tgattttacg gatatettgc ttctgttccc catggagctc1320 cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tgttcagacc1380 tggtcggggc ccactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcgaggga1440 | 40 |
| agcacccggc ggtttgggcg aagtc 1465 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109: | 50 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 65 |

```
:NA5/RO (C)
                                    (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                                      09
                                                   (vi) HERKUNFT:
                                             (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                      ςς
                                          (III) HYPOTHETISCH: NEIN
                                       hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: sus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                                                      OS
                                          (D) TOPOLOGIE: linear
                                             (C) STRANG: einzel
                                           (B) TYP: Mukleinsäure
                                     (A) LÄNGE: 783 Basenpaare
                                                                      SÞ
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                              (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:
                                                                      01
                ctagagctot gccaaaaaa agaaaaaaa gtogacgogg coggaatt
geotiteice etgecaceae tecetiagie titeceagge tiacietece aataaatgigl440
tecesecete etectetet eettessage eesactgage aecegetetg atteceesal380
occotaagto cottigioti gaccoccaag toticaacca gatatoctog gcaaccacci320
ccicccaga cictgcacgg atgicctagg cccctcccc aactctaacc agacccatcl260
cffggacacc aggccaacta gacacccaa caccaaactg tacagactct cccaccccaal200
tyccytydaa ccccayccay ccacaccaya ctctyggacc cttttcgac tyccccaactli40
aayacccyat cettececty caaccayaca ytetacaat yeececteca yeecatttet080
ccccccsssc. Acceddscc cccsccccsd sccstccsd cccddfcccIOSO
ссваеттату утупарасая ссстууссся всссовуюс ватоссссов 960
ttctgagtcc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
caycoccacc gacccactt cttggcatat agccccact aagacccctc ctctacttcc 840
ecgacaacte eccggettee agacectace ageactace taacecteag ecgacagtet 780
acatagacco ticcactgac accotogoto teagagocco tecagotite egacoccaca 720
ctytoctoto acceatoot ggattotyco ctyacotoca toctygacac tycottyata 660
defecercia tiasageega tetgacieeg eceageeaga tgiecegagi gegeaaga 600
gecageogea gecaagtagg aggggetgg gecggeceg caeeeeggga geetecteag 540
derarcece daddecaree rarecarees adcedesees deareadeec sadececesee 480
cdadrecese careaceace georgecode radedrada ecaderacea rasogerece 420
वेतेतवेद्देवद्व तेत्रवेतवेत्रवेत प्रदाद्देवदेव वेत्रवेतव्यव्य वेद्देवद्वय्वेत देवेद्वेतवेत्वेत्र ३००
acacacece sacardacae racceardae cesadracea seadsseceed aceserrire 240
ададастдет дадассдада гддстдодог стдссссвое ведстедсее согаствест 180
                                                                       51
creddeceed rrdcceddec rreddedec eddsedeere rrrdseesde derreddeds 150
ಂಡಿದ್ದಾಡಿತಡಿಗೆ ತಾರ್ವಕ್ಷದಿಗೆ ತಾರ್ತ್ನಿಂದ್ದರೆ ಅದ್ದಾಗಿಕೊಂಡು ದರ್ಭದ್ದಾಗಿರು ಗಡಿಯಿಂದರಿಂದ ಕರ
                     (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                       ς
                                                    (C) ORGAN:
                                    (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                   (vi) HERKUNFT:
```

59

| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110 | 5 |
| aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa | 10 |
| gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgcctgaata tttgttatgt360 agataacaag acctcagtge cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggtctaa420 ctcagcaact cgctttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480 ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtatggtt gacactagcc caatgaaatg600 | 15 |
| aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660 tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca720 agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780 gct 783 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111: | 25 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1045 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 40 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 45 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111 | |
| tetgttetgt ggacaactgt tactgttett cegtggecaa ceatggegge caccagecet 60 accecegete eggecaettt ceetggacag tgecetegea ggagtaetea caccegetee 120 | 55 |
| cgcccacacc ctccgtcccc cagtcccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180 cctcccagca gcccggccac caggatttct acagggtgta tgggcagccg tccaccaaac 240 actacgtgac gagctaacgc cacgcaggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccage 300 ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcctc gcctccctc 360 ttcctcattc cattgcccca ggtcttttcc ttttgqatt tgttttggtt ttggctttgt 420 | 60 |
| ttttgatttt tttttattat gaateteetg gaegeagagg tgaeagtggg agetggeetg 480 ggeeaggaeg geaggtggee etggagatgg gaaagtgtet gtgtegagge getgagetet 540 etetetgttt eteettttt cetetaetee tteeeettea caeeeeegtg getggaagga 600 | |
| acctogactt cootgaaage ttgggggtoc caccottott accessegg gotggaagga 600 | 65 |

```
aacatatyoc aattittaaa ctatyacayo tittititc totticcatt caaatayycc1320
aaagataagt gettgteta geataaatta aaaggteeaa gggaatttaa tetggaagagl260
cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaagal200
creadactor geaaagget tagetaagtt ategagetta aaaccedtea attaaacaaall40
ttcagatgag gcaagaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattaggl080
tatcaatitc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaal020
cadasas\elldas addidasadd igigarcigi gagacigici gagacigica cicalccigc \ell
\operatorname{ccd}_{\mathcal{I}}\operatorname{dcf} capadacccc scadadacaa casfacccaa fadaticaaq adaaqctaad 900
taaggacteg geattigtee acagteagae tgeaagagag ggtaggteat gaacagteae 840
aatycaaaty tatactytaa ytctaccttt actatctact atycctactt caccatctct 780
cracectit caattgtgca atcitcitgt geactitaag gettittaat titgtitgag 720
gagggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
tittaagtat titoitaati tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
seasyccasa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaaaatgtt accaaaaat 420
tttcccagag ctgccctcag aggagtgaaa gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
cccddardrc cracrarcae acaadarda cardaaddad ddadaaddrd arcaddadad 300
ддвясвядвя двдагдддва ддсявядсяд сдсддсссяд дссясддсся дгдгдвягдс 180
geaagagge tgeacettag gttetgaece catetgeete agtgagagee aggtttetga 120
своестовог достоятдвай двададдда свадгагос двадаваддда вгдооговов 60
                                                                   0t
                    (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112
                                  (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                       (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                 (C) ORGAN:
                                  (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                 :THUNARAH (iv)
                                                                   30
                                            (iii) AUTI-SENSE: NEIN
                                        (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                                                   52
                                     hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                        (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                   50
                                           (C) STRANG: einzel
                                         (B) TYP: Mukleinsäure
                                  (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
                                  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                   51
                            (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:
                                                                   01
SFOI
                                      deseggeeee ffdffgaagg teeag
coctatytec aggaaagggg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaagca 960
cacttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccaagaatga tttctcctgc ttccttctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
agtaaggaat gacctttaga ttgtgcgact tttgttttg rrttttaaa 780
coadddcccc dddcridrir crecreridr rerecriffd ddeadricaa reactaaroo 120
```

cdddrrcedr cccedeeddd ceceeeerde erdeereer eeereeerde ereeedecee1380

999999

59

98ET

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113: (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 5 (A) LÄNGE: 1747 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN 20 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113 30 ccaqtctqtq agcccttqtc ctqtqqqtcc ccaccqtctq tcqccaatqc agtqqcaact 60 qqaqaqqcac acacctatqa aaqtqaaqtq aaactcaqat qtctqqaaqq ttatacqatq 120 gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatggtc gctggttccc tgagagaatc 180 tectgeagte etaaaaaatg teeteteeeg gaaaacataa cacatataet tgtteatggg 240 35 gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggta tacctttgag 300 ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360 tettgeagte cagtitettg tgggaaacet gaaagteeag aacatggatt tgtggttgge 420 agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480 qqqaacaqqq aacqtqtctg ccaggagaac agacagtgga gtggaggggt ggcaatatgc 540 aaaqaqacca qqtqtqaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600 aggacgactg gacccaacgt ggtatattcc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcca 660 tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaacca 720 aatccatgcc ctgttccttt.tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780 tatgttgatc agaatgtgtc catcaaatgt agggaaggtt ttctgctgca gggccacggc 840 45 atcattacct gcaaccccga cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900 tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960 qgaqacatqa tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt1020 gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctattt gcagagctgt ctgtcgattt1080 50 ccatqtcaqa atqqqqqcat ctqccaacqc ccaaatqctt gttcctgtcc agagggctgg1140 atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt1200 gtggcccctt accagtgtga ctgcccgcct ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct1260 qtttqccaqt ctccctqctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt1320 ctttcttctt qqacqqqaca taactqttcc aqqaaaaqga ggactgggtt ttaaccactg1380 55 cacqaccate tqqctctccc aaaaqcaqqa tcatctctcc tcqqtaqtqc ctgqqcatcc1440 tqqaacttat qcaaaqaaaq tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact1500 tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac1560 atgtttccat ttttaaatat qcctqtattt tctatataaa aattatatta aataqatgct1620 qctctaccct cacaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagttcc tggtacacat1680 60

233

65

ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaqagtat attttgctac taaataaaaa1740

aaaccgc

DE 188 18 620 V I

cadocacadd tacadocaca ggcacatica cagggcocaa ggcaggtgca gotgcagcagl320 cracescede edceadarace accecedara cedaradada cededacesce deedceadaratyeo caddfdcadc caaaqcfdca qaaqcaddcq caaacacada ccfcccaga gcacttagtglloo ctdcaddfcc addcccaddf dcadfcacad acfcadccgc ggataccatc cacadacaccll40 ccedeccide rdecidedde eciddeedee eeedfacide eeedericee deceedddicjogo desdeesed dedasddeec sdeeddeedde eddaeddeed eseedassagos daesesdaesgogog сдадстдеся дсявададат гдаддадстс вдавдадстс всядадавад весстосядд 960 adaddacarc decaaddaaa aacdcacrcc adcaccrdad cordadcorr drdaddedrc 900 rdaddaadcc dcadadcccc ddarddacac accadaadac caadarrrac cdcccrdccc 840 asaggatict icticicaga caatgccigt ggaagacaag teagacece cagaggggic 780 cofficedga cygaacccc agaaacagg coggaccfc toctofacca cocceaatog 720 tegecaqtee ttgetgggae etecteetgt tggggteece atgaaceett eccagtteaa 660 cagoctoaca coccoacaac tggccactoc aaatttgcaa cagttottto cocaggccac 600 свсядсявся сраддеявс ресурадось ручи рессендо ресоснадось бабо 02 addactddac cadrrrdcaa rdccaccadc cacdrardac acrdccddrc reaccardcc 480 tytcagoggg gytccccogc agcagccaca gcagagagct ttgcttttac agggcaccaa 420 ctcagcctcc ctcctcaacg gctccatgcg gcagagagct ttgcttttac aggagttgca 420 desdffactg eageteeage agetgeteea geagteeeca ceaeaggee gttgeeatgg 300 desdesdesd ercesdesde recadesdes desdereesd esdesdessr rdesdesdes 540 dcdcdcdddd sddcdsdccs ccsfdffcsd ccsdcsdcsd csdcsdcsdc fccsdcsscs 180 cddccdqddc dqddddcqd cdddccddc ccqccdqd dddcdqcqf qddddcqf qD casacceses accossass tagesaggg gaggeraggs georgeggg cagagerage 6030 (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 57 (C) ORGAN: (A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT: (iii) ANTI-SENSE: NEIN (III) HYPOTHETISCH: NEIN ςī hergestellte partielle cDNA (ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 01 (D) TOPOLOGIE: linear (C) STRANG: einzel (B) TYP: Mukleinsäure (A) LANGE: 1526 Basenpaare ς (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 114:

deseasasay alcacadeca adeteccaga eacagagage tecteccaga egecagating ogeagaget egecagating gaggesage egetagages ageagages egetagages e

7256

59

09

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

edffceddc cecceddddc edddcc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

| (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
|--|----------|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 20 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115 | 25 |
| cccgagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60 tggatacaac agaagaaaac aacccacaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120 attttgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaatct caaaaacaaa aaagtactgt 180 ggatctccct cgagccgaat tcggctcgag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccgc 240 gggggggacca atgtgcctgt gtcccacagag cagccgagag gcggggaga cgctgctgcc 300 cagagggccga acaatgccaa gcccaaccgg cagccgagag ccgggggggaga ccgcgggggggg | 30 35 |
| acggcctccg ctgcgagetg getggtgeae teceaggete acgetgggga getgetgegt 960 ctgtggteag gectectget ectgecaggg ageacgegtg gtettegggt tgagetegge1020 cgtgegtgga ggtgegeatg getgeteatg gteceaacac aggetactgt gagagecage1080 atccaacec acgettgeag tgaeteagaa tgataattat tatgaetgtt tategatget1140 teceacagtg tggtagaaag tettgaataa acaettttge etteaaaaaa aaaaaaaaa1200 aaaaa | 45 |
| | 50 |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116: (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 65 |

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: (C) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

SI

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

gtggtatgta tatttgtaca cotaactaco tggcacttgg aaatcacago actactcaga2940 tttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaact gtatgtttct2880 argadogica ruccaatuaa accccatori ciggagaago cortgaatea gaartateril2820 cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct2760 caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc2700 ctyggaaaa gcagaattga attettetet agatgteeta ceagggttgg ceaagggeea2640 tetgggggae acaaagatge etgtgaeact ttggtgttge egagttagte aacaattatt5580 ccaacactgt attoccagaa acatgaccot cgctggtott gggtccacat atcattggac2520 tegagtitgt tittaaacat tittataagt teatgagaaa aaatatataa attotaagaa2460 tasaatgott ctagagggaa gtogtggggc gtgtgctcat tototttaaa atcagggttg2400 agggcatttg aagtcatggt catcaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct2340 totaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg cccagcaggc2280 geocttgget gegtateatt teatecagtt ataaactagg getectgeaa geacececat2220 taaqaqcaqa agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaaataaag2160 catteggetg ctaagaggea tgtegaacae tetgtgtgge tettteacag taaaccetec2100 actaacgtat gtgagaccat tttcctattt gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaaggt2040 scatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag1980 goattgtagg acagetgaga attatcacat agectaaatt ctagectgge ageaagatc1920 teasateag cocaggitat ttagotatio tagaaagigo cgacticiti caagaagcag1860 tttcacaaa aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct1800 atttagtatg attgttagtg gtaacatata tcaaggottt gaattaactg ttttatttaal740 tttytaagac acatttgggt tytcattcta gagcatytca aactttytac ttcaaaatatl680 gaggaaaca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaagc ataccttgtt aggaacgtgt1620 ctyagoatty coactitaat cttagaatat ttatcattit gacacatcci gtitititagal560 atattococt cagtottota ggagggcaga gtgaatocoa gaactggtaa gattgggaat1500 atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaaggttc catggacatg taagtacagc1440 agiticocot taatoatgty toaaacotot ottootyacy gyaatytigt gotataal38.0 typasadyt cattacaytc actyactttc tycayyacct taaacatttc totttccacal320 goottatyta tattatocca aatocactyc atyytttaaa tacayycact gyaatataaall860 eggitticat igceagetea agagegaeaa teatitaega giteetaigt taigitaggill200 ttaggacttt gcctcttcct ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagtll40 ttagcttgat tggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgtttagttt1080 agcotcoctc ccatggggta cattttcaat ctgagtgttg ttgccttagc tgtgttggtal020 адградадсь ваддвадта гарсадтара всадавадда дадградась госадасдро 960 adadraagag gaattigctt tecetytetg eccaecaggg getatatgt ceaectitea 900 адгогдасог састосуваду дедадудая дедудандая сеадстосог 840 accatacagt cccactttat agaagaggt ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780 goatgoagta aaagcatota caacttoago tgggcactgg cagcataggt ctcatottgg 720 goottotggt catcotagga ctatttggag ttotoccaaaa cottgtaaga ggcatgtcag 660 gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600 52 ctagtggtgt ggtatgcagg aatgagaagt gttttctttc catttcctgt tggacaggtg 540 tgagatcatc gycttaaaay tatcctagga tgytaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480 $\mathfrak{s}_{\mathsf{r}}$ asaaggotto ttatggtgca gcaggaaaa agatcatttt tatagotttg cattottaac 360 ocidosaagg aaatotgitg aatgotigos titigaatic titiciaata gaacaaccaa 300 aggataaagg aaaaaagcaa totattoatt atataacaca gttgtttgta ttacttgttc 240 accacaggat gtagcttggt ctcttatttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180 totgotttt ototggaaa totttoattg ottttggtgg aaatttacot agaggttaca 120 догатьсска завовнава водововать водоводся водовостаться бо

```
ggcaattgaa taaagagaaa tttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaaytgca tcccaagtat acacggggacu3050
aagctagact cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaag ctccttgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggatc catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcctc3300
tacctgataa tgataatact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaa3420
aatttttaaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
                                                                                   10
tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaataa caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggt gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcat tcaaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
                                                                                  15
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggccctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
 gagattcg
                                                                                  20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:
  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                                   25
     (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
     (B) TYP: Nukleinsäure
     (C) STRANG: einzel
                                                                                   30
     (D) TOPOLOGIE: linear
  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
     hergestellte partielle cDNA
                                                                                   35
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                                   40
  (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH
     (C) ORGAN:
                                                                                   45
  (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117
                                                                                   50
 gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttcctaggat attgatatat tccacgettc 60
 tagtgggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtac tagaaagagg120
 agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctcgtgtaga agtggaaatg tcatacagga180
                                                                                   55
 tagcaaacac tettggttee tttttgeeca ggettgeeca gageeggeaa cageaacaaa240
 atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
 atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
 agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagtgag acctcgctac agtggtccag420
 cacctcctcc, caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
                                                                                   60
 ccaatggatt tgaacagaag cgctttgcca ggcttgccag caagaaggca gtggaggaac540
 ttgcctacaa atggagtgtt gaggatatgt aactttcctg aggctgtggg ggtggctggg600
 ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
 tggagcccac acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaatattcg720
 agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcggtgttt780
                                                                                   65
 ggtgggtttt cagaggaa
```

DE 18 18 620 V I

| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung ANCD partielle partielle cDNA | 59 |
|--|------|
| (A) LÄNGE: 4584 Basenpaare (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | SS |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119: | |
| gasgacocct coagagagas aataaactag cocagacoct cototaaa 1068 gasgacocct coagagagas aataaactag cocagacoct cototaaa 1068 | 0\$ |
| deadyagyat gagatetesa agaactegyt gacattesy aaaatyesya aaacyesyyt 660 ceygayyat gagatetees gyoetegay ergeayye ergeayyees ceygayeesy 720 gagayeeta tatyytetye tytyeseyt gyotyetyya ayyatyaeta ceadaayyaa 780 ceygaytyata tatyytetye tytyeseyt gyotyetyya ayyatyaeta ceadaayyaa 780 gagayeetyyata tatyytetye ayyatyeesy gyototyyatya gyototyyatya ayyatyeety 840 ceygayyata tatyteety gyototyyata gyototyyatya gyototyya gyototyyatya gyototyyatya gyototyyatya gyototyya gy | SÞ |
| draddaddad cradaactad racaddadda daraacete arctacada agetecaage 600 cetgesqea creagage daggescraft agagasete catgagage 480 agagasage catgagagage cetgesqua agagasage 480 agagasagag agagasaga agagagacet 420 agagasagag agagasagagagagagagagagagagag | 01⁄2 |
| cocciototo tyactosate tectasacet teastacast gattegaga agagageta 120 teccasete eagasete tectasacet tectasace etesagage 120 teccasete eagasacte tectasacet tectasace etesagage 120 teccasete eagasacte tectasacet tectasacete eagttasaget 120 teccasete eagasacte tectasacet tectasacete eagttasaget 120 teccasete eagasacte tectasacete etesagacete 200 teccasete eagasacte eagasacte 200 teccasete eagasacta 200 teccasete eagasacta en eagasacta 200 teccasecea getttesaget 200 teccasecea getttesaget eccasecea etesagete 200 teccasecea etesagas eagasacta 300 teccasecea detttesagete eccasecea etesagete 200 teccasecea etesagete en eagasacea etesagete 200 teccasecea etesagete 200 teccasecea etesagete en eagasacea etesagete en eagasacea etesagete 200 teccasecea etesagete en eagasacea etesagete en eagasacea etesagete 200 teccasecea etesagete en eagasacea etesagas en eagasacea etesagete en eagasacea etesaget | SE |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118 | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 572 |
| (vi) HERKUNFT: (C) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (iii) AUTI-SENSE: NEIN | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | \$1 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (B) TYP: Mukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | S |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118: | |

| (iii) HYPO | THETISCH: I | NEIN | | | | |
|--------------|-----------------------------|------------|------------|------------|---|--------|
| (iii) ANTI-S | SENSE: NEIN | 1 | | | | |
| | UNFT: RGANISMUS RGAN: | S: MENSCH | | | | |
| | TIGE HERK BLIOTHEK: (| | | | | 10 |
| | ENZ-BESCH | · | SEQ ID NO: | 119 | | 15 |
| | | | | | | |
| ctcgagccgc | tcgagccgcg | gaagtaattc | aagatcaaga | gtaattacca | acttaatgtt 6 | 0 |
| tttgcattgg | actttgagtt | aagattattt | tttaaatcct | gaggactagc | attaattgac 12 | 0 |
| agctgaccca | ggtgctacac | agaagtggat | tcagtgaatc | taggaagaca | gcagcagaca 18 | 0 20 |
| ggattecagg | aaccagtgtt | tgatgaagct | agggcttggg | gcaagagggc | aagcagcagt 24 | 0 |
| agaaggaag | acceptage | gagtccagga | gccagtgcga | tttggtgaag | gaagctagga 30 | 0 |
| agaaggaagg | gaggetadeg | atttgaagtg | gaaaagagga | accoggageg | gtaggatgaa 36 acgggaaggc 42 | 0 |
| gaagaaaaga | atagagaaga | tagggaaatt | agaagataaa | agacagaagt | tagaagaaaa 48 | n 25 |
| aagataaatt | taaacctgaa | aagtaggaag | cagaagaaaa | aagacaagct | aggaaacaaa 54 | 0 |
| aagctaaggg | caaaatgtac | aaacttagaa | gaaaattgga | agatagaaac | aagatagaaa 60 | 0 |
| atgaaaatat | tgtcaagagt | ttcagataga | aaatgaaaaa | caagctaaga | caagtattgg 66 | 0 |
| agaagtatag | aagatagaaa | aatataaagc | caaaaattgg | ataaaatagc | actgaaaaaa 72 | 0 |
| tgaggaaatt | attggtaacc | aatttattt | aaaagcccat | caatttaatt | tctggtggtg 78 | 0 30 |
| cagaagttag | aaggtaaagc | ttgagaagat | gagggtgttt | acgtagacca | gaaccaattt 84 | 0 |
| agaagaatac | ttgaagctag | aaggggaagt | tggttaaaaa | tcacatcaaa | aagctactaa 90 | 0 |
| | | | | | ttagaagaat 96 | |
| ctygaaggee | atanagara | attacaset | tgaaaaatgt | gaaggacttt | cgtaacggaa102 | 0 35 |
| attattttt | accaagagta | gactagcatt | aattgacage | taacccacat | ttgagttaag108 gctacacaga114 | U |
| agtggattca | gtgaatctag | gaagacagca | gcagacage | ttccangaac | cagtgtttga120 | 0 |
| | | | | | taggaaaaga126 | |
| gtccaggagc | cagtgcgatt | tggtgaagga | agctaggaag | aaggaaggag | cgctaacgat132 | 0 |
| ttggtggtga | agctaggaaa | aaggattcca | ggaaggagcg | agtgcaattt | ggtgatgaag138 | 0 40 |
| gtagcaggcg | gcttggcttg | gcaaccacac | ggaggaggcg | agcaggcgtt | gtgcgtagag144 | 0 |
| gatcctagac | cagcatgcca | gtgtgccaag | gccacaggga | aagcgagtgg | ttggtaaaaa150 | 0 |
| tccgtgaggt | cggcaatatg | ttgtttttct | ggaacttact | tatggtaacc | ttttatttat156 | 0 |
| | | | | | ggggacgtag162 | |
| | | | | | atcttgtctg168 | U |
| ttttttt | acacqaattt | gaggaaaacc | gagaaatagt | agatggcaag | tttgtgggtt174 ttgagacaat180 | 0 |
| | | | | | ttcagttttq186 | |
| | | | | | gtagagtttg192 | 0 |
| | | | | | tgggggcaaa198 | |
| atatgttttc | agttctttt | cccttaggtc | tgtctagaat | cctaaaggca | aatgactcaa204 | Ö |
| ggtgtaacag | aaaacaagaa | aatccaatat | caggataatc | agaccaccac | aggtttacag210 | 0 |
| tttatagaaa | ctagagcagt | tctcacgttg | aggtctgtgg | aagagatgtc | cattggagaa216 | 0 |
| atggctggta | gttactcttt | tttcccccca | ccccttaat | cagactttaa | aagtgcttaa222 | 0 55 |
| ccccttaaac | ttgttatttt | ttacttgaag | cattttggga | tggtcttaac | agggaagaga228 | 0 |
| gagggtgggg | gagaaaatgt | ttttttttaa | gattttccac | agatgctata | gtactattga234 | 0 |
| caaactgggt | ttataatta | graceget | gcgctgttgg | cacgaacacc | ttcagggact240 | 0 |
| | | | | | cagcacagtg246 gtaggccaaa252 | |
| tattasaatt | aagttttcca | ataatatasa | ttottaaaa | ttttattaa | gtaggccaaa252 ggggaggggc258 | 0 60 |
| aaatattaac | aattaattaa | cagtageete | ttacaattaa | gattggtggg | gtgggtttag264 | 0 0 |
| qtaattgtt+ | agtttatgat | tacagataaa | ctcataccaa | agaacttaaa | gtcttagaat270 | 0 |
| | | | | | atttagtttt276 | |
| | | | | | tgggtgtacc282 | |
| | t++~~~~~~~ | | | | # F F F F F F F F F F F F F F F F F F F | 0 00 |

```
(D) TOPOLOGIE: linear
                                            (C) STRANG: einzel
                                                                      07
                                          (B) TYP: Mukleinsäure
                                     (A) LANGE: 982 Basenpaare
                                   (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                      SE
                              (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:
                                         deceptater addaesasds toad
tttgcatgtt aactttaaat gcttacaatc ttagagtggt aggcaatgtt ttacactatt4560
gaaagteagg ggtetataaa_ttgacagtga ttagagtaat acttttcac atttccaaag4500
cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaaggt aattacacat tttatttcca4440
tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataataag380
ageggaagaa egaatgtaae titaaggeag gaaagaeaaa tittatiett cataaagtga4320
tetetaatet tteagaaaet ttgtetgega acaetetta atggaceaga teaggatttg4260
atttaaataa aatagtgttt gtotgtagtt cagtgttggg goaatottgg ggggattot4200
cattcaaaat aataaactat tittattaga gaatgtatac tittagaaag ctgtctccti4140
teagatytta etgetaaaat ttacatytty tyatytaaat tytytayaaa accattaaat4080
tigittagea tigaatetet gaaggeteta tgaaaggaat ageatgatgt getgttagaa4020
tttaaataat ttottaaaag cototaaggt gatoagigoo ttgatgocaa otaaggaat3960
dactiditec tgigggette agigatggga tagtacacti cactoagagg cattigcatc3900
octtocotag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
gractiatit traagageig iggagiteit aaatateaac caiggeaett teteeigaee3780
gcaggcagct gitaacagat aagtitaact tgcatcigca giatigcatg ttagggataa3720
cagacaggta totottogit atcagaaga tigottoatt toatotggga goagaaaca3660
aagaaatgaa aatgitacac tacattaato otggaataaa agaagoogaa ataaatgaga3540
caatgaagag geaatgteea teteaaaata etgetttae aaaageagaa taaaagegaa3480
attitaaayt taatigciig teaagctata accacaaaa taatgaatig atgagaata3420
gcatatgcca aaaaattta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattottac tactgatgag aacattatot3300
atycagagaa aacayctcct tygtgaatty ataaytaaay ycagaaaga ttatatytca3240
caaactitit teagataaca tettetgagi cataaceage etggeagtat gatggeetag3180
gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat2120
cttttggaat tttttcagg tgatttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
gacattaact acaattatgg gaatgcaaa agttylttgg atatytagi gtgtggtlut3000
agtatagage titiggggaa ggaaagtati gaactggggg tiggtetgge ctactggget2940
```

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
- hergestellte partielle cDNA
- (III) HYPOTHETISCH: NEIN
- 0۶ (iii) ANTI-SENSE: NEIN

09

ςς

- (C) ORGAN: (A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120
- datetgaaac caetttgcag tegacataet eggataceag egetetgegeec acetgtgatt180 sdccadcafc decadaeder dedeedca ccaccaedad ceaccadda fefdeccaddiso वेत्वेवववेवेवेव टटट्वेत्वेवेत्त व्येटव्येटवंचट् व्यटवेटव्येटवे ट्येवव्येत्त्व वेवेतव्येटव्येट ह

| atggatatgg aacttggaac tetgggacaa atagaggeta cyagggetat yyetatgget240 atggetatgg ecaggataac accaccaact atgggtatgg tatgyceact teacactett300 gggaaatgee tagetetgae acaaatgeaa acactagtge etegggtage gecagtgeeg360 atteegttt atecagaatt aaceageget tagatatggt gecgeatttg gagacagaca420 tgatgeaagg aggegtgtae ggeteaggtg gagaaaggta tgaetettat gagteetgeg480 actegaggge egteetgagt gagegegaee tgtaeeggte aggetatgae tacagegage540 ttgaeectga gatggaaatg geetatgagg gecaataega tgeetaeege gaceagttee600 | 5 |
|---|----|
| gcatgcgtgg caacgacacc ttcggtcca gggcacaggg ctgggcccgg gatgcccgga660 gcggccggcc aatggccgca ggctatgggc gcatgtggga agaccccatg ggggcccggg720 gccagtgcat gtctggtgcc tctcggcttg ccctcctct tctcccagaa catcatcccc780 gagtacggca tgttccaggg gcatgcgagg ttggggcgcc ttcccgggcg gcttcccgtt840 ttggttttcg ggtttggcaa tggcatgaag cagatgaggg cggactggga agacggggac900 cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960 agttagcaaa gcagcggaa tt | 10 |
| | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121: | 20 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 742 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 40 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121 | |
| ctcaacttcg cacgactgcg tgcctcaagc cgacgcagcg gcctactctc gcactgcaga 60 cggggaaact gaggcccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccggcga gcccgagccc120 ccgccccgg ctagcccgc cctggcccgt aagaagcacc cggggcgcga ggcgaaggcg180 cacagcgcgg ggccaggctg ggtccagcag cgcgatggca gctcagcggc tgggcaagcg240 | 50 |
| cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcggg ccagggggca gtcccggggg300 gctgcagaag cggcacgcg gcgtcaccgt caagtatgac cggcgggagc tgcagcggcg360 gctggacgtg gagaagtgga tcgacgggcg cctggaggag ctgtaccgcg gcatggaggc420 agacatgccc gatggagatca acattgatga attgttggag ttagagagtg aagaggagag480 | 55 |
| aagceggaaa atecagggae teetgaagte atgtgggaaa eetgtegagg actteateca540 ggagetgetg geaaagette aaggeeteea eaggeageee ggeeteegee ageeaageee600 etcecaegae ggeageetea geeceeteea ggaeegggee eggaetgete acceetgaee660 etettgeaet etcectgeee eeeggaegee geecagettg ettgtgtata agttgtattt720 aatggttetg taacaataaa aa 742 | 60 |
| (0) INTORNATION ÜDER 050 IR NO. 400 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122: | 65 |

```
ctgagaggag_gcagcaatcc agaatactc cttttctagc cagcatccct tgaactttg2100
\Delta_{\text{resededd}} cracedes sendeces sadedaceda cracedadce adedadacrooto
creceacte actgaaace ggaacagatt ceegettgee tectgatgaa gagaggtag1980
stdcssdddc csdssdtsdc ffdscfcfcd ccfsssfstc fdfdccfffd ccfdfccffff350
sescesded, fdededfcdd edfocedfc dfcddddccc scfffccfd sefeedddscf860
adarreagga aaggeacat garggraggg agecteraa gagecteraa tgreeteeca1800
cctaatcaat cagigtatca gigcatcigg iggcaacagc tcagcccait caaaqagcaal740
tetttateet gagaetgttt gtttataget taaaacagaa gtgtgtette ecageacaaal680
decediates etecteeata getiggeea ggagaeatg agtageeatg tetggittacle20
ccedificae adcfcctogg ctatgctaat gfcccctcag agatgaggit tgacttttagl560
ttagagagt ggtttccat gaatcagca agattcctgt agaagttggg tatacctatt1500
ocfffcatof occtofdcat toffaattoc tigotitict cactiggage cgagggfgctl440
taaggtgaca teaggatget ettatgteet teeagaataa geatacaett caeteetel380
trattected tocaaattit tocotgatgi ticcaataaa gattiactig ggiggccoctl320
getytecece aatteatety ettatttigg accatyaate tyccayagty atatttetyll60
tattaaatca tatottttgt ttttccccct cccttctaat cccccaaagg acctatttgal200
fftaaaatga ggtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caatttattii40
adddafsact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gcccagagct1080
tylctaaaa caataccatt aatgaatyt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
doctacaaco cadtytocco gaagocotto ttogggagaa ctytaagtaa gaggtggggg 960
adardcarrc actrorcorr raadadridd ddridaddc saacaradaa cocaddriid 900
fffctgaggg ctgagaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
satagatesa etteatigta gtecaggase tgtiggtese agetactagg aatgaggiga 780
ggaagcagta gaccctgtca gggacagcta ttgatcttt gtgttctgat tagattggaa 720
teaggeteea getgageaga gattttaate agetteetta atgggtattg acaetgetea 660
teacagasac asagettigt cacacagasa tgagttetgt eteactggtg actteatece 600
ccceddddcr rrddecered edcedddrdd eedcrdceed recrdddeed deededdrr 240
tycatagaac aycacttyyc tttcacaayc ctcctacayy acctyytyta attygaytya 420
addrordasd addadacrac casagoadrd thtacaaac cagagrocac acaaccatat 360
tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
aagaaattt tootogacaa gaacotoaat otttagttoo attgagotoo coototggat 240
restratific terderisas eccaretat testiateri asectetace fiseadeage 180
cofficotes gofficites asigggator acatiggote troacacces aatagcagae 120
   dritggacaa grigittaa taggaaatag accigcgigc ticataggit tecteaacea
                     (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122
                                                                      52
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                         (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                   :NA5RO (C)
                                                                      50
                                    (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                   (vi) HERKUNFT:
                                              (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                                                      51
                                          (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                       hergestellte partielle cDNA
                                                                      01
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                          (D) TOPOLOGIE: linear
                                             (C) STRANG: einzel
                                                                     ς
                                           (B) TYP: Mukleinsäure
                                    (A) LANGE: 2330 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
```

59

| aaagaatgtt tteaceettg cateettett gggagaaaget acaageetgt tgetteagtt2220 tgagttggtt teacatteag gattttgggg ttttatgggt ttteetteet eeetgtgttt2280 tgeecegaae gttgateaae aggggtgaaa aagggeeaee tgagggttte 2330 | 5 |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÛBER SEQ ID NO: 123: | 10 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123 | 35 |
| gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60 tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtggtcaa 120 gtggaagttc atggtgagca cggcagtggg aagtcgccag aagggagagc actcggtgag 180 | 40 |
| ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240 tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggt ggagctggac gaggaaaggg gggcccaggt 300 ccaggttctc cagggaaagg agcccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360 ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420 ctgcgtgcgt ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480 | 45 |
| cagcetgagg tecagaactt ceatggtggt gettaacgte aacaaggeee teatetacet 540 gtggeaegga tgeaaageee aggeeeacae gaaggaggte ggaaggaeeg etgegaacaa 600 gateaaggaa eaatgteeee tggaageagg actgeatagt ageageaaag teacaataca 660 egagtgtgat gaaggeteeg ageeactegg attetgggat geettaggaa ggagagaeag 720 gaaageetae gattgeatge tteaagatee tggaagtttt aacttegege eeegeetgtt 780 eateeteage ageteetetg gggattttge ageeacagag tttgtgtaee etgeeegage 840 | 50 |
| cccctctgtg gtcagttcca tgcccttcct gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900 agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960 cgagaacaag atcactggtt ccgcccgcat ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020 ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080 ccttatccac gctggtctgg agcccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140 | 55 |
| cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcaccct1200 cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260 caggccactc ccggaggggt cgatcctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320 ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag1380 gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtggga gacgccagag gagcctcacg1440 | 60 |
| gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500 ttcacaaagt attttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg1560 | 65 |

```
(D) TOPOLOGIE: linear
                                              (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                                                        09
                                     (A) LANGE: 1932 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:
                                                                        ςς
                                       tgtcggcata ttgcggacag tctgaga
 cacattggaa aaaaattott ttatocgtot tttaaggata tgtttaaata ttattttatg780
                                                                        0۶
 ccatcctaat agggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca tacccagttt660
 gaattitga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt acttictitc atatggttit600
 goattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtttg tttgcttgtt540
 taaaggetgt ttgcacettt aaggaccage tgggctgtag tgattectgg ggccagagtg480
 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420
 ascttgatcc acatcacacc ctgtttattt tccttaaaca tcttggaagc ctaagcttct360
 tattacatac ttcattacta ggaagttott tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300
 agcaacattg tottattaaa gcatagttta tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
 castatada aatagtacce tetaaaaag agaaaaaa aateaggegg teaaacttag180
 atttggaatg gaaggeeagg gactatacte titttaaaat agacattigt ggggeteaeal20
 cofficotes tototatias attytasaea ggactactgo atgtactoto titgaggiga 60
                      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124
                                                                        Sε
                                    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
                                          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
                                                                        30
                                                    (C) ORGAN:
                                     (A) ORGANISMUS: MENSCH
                                                    (vi) HERKUNFT:
                                                                        57
                                              (iii) ANTI-SENSE: NEIN
                                           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
                                        hergestellte partielle cDNA
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
                                          (D) TOPOLOGIE: linear
                                                                        51
                                             (C) STRANG: einzel
                                            (B) TYP: Mukleinsäure
                                      (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
                                    (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
                                                                        01
                              (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:
tatggattta acaaagcaat atgtattcat teactttega gatttggggg gttgtttl860
tectettat aaagtyttat tittgataytt tytggattet aaaataccat ataagteaaa1800
atagatagea ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct ttttrittt tttgaagcagl/40
troadgaggt tatcagaatt aataaaagta totgetatt goacttaagc cytagetges)
```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

| hergestellte partielle cDNA | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | S |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 10 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125 | |
| ccggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60 aggcggggct ctggcgagtt ctccttccac cttcccccac ccttctctgc caaccgctgt 120 | 20 |
| ttcagccct agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180 caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttcctct 240 ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300 ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360 | 25 |
| aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480 tatgccttct taggcttgac agcccacct ggttcaaagg aagcagaagt gcaagcaaag 540 | 30 |
| cagcaagcat gaaccttaag cactgtgett taagcateet gaaaaatgag tetecattge 600 ttttataaaa tagcagaatt agetttgett caaaagaaat aggettaatg ttgaaataat 660 agattagttg ggtttteaca tgeaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720 ttatggtgat tatggtgag agaatgggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780 | 30 |
| atcgtagaaa tagtgttgtt acctgccaag ccatcctgta tacaccaatg attttacaaa 840 gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900 cattaaaaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960 | 35 |
| catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag1020 gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccattc1080 ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc1140 tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga1200 | 40 |
| ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa1260 gttccttgcc tcagtgaaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct1320 taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacaggttg1380 gcgatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt1440 | |
| tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt1500 tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct1560 atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaataaaa agggcaactt ttaaaatatt1620 | 45 |
| aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca1680 tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta1740 tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga1800 qatgcctttg tttcatgaga ttcaaacttg atgctatgct | 50 |
| ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaaggc gaccccccga gtagtgggcc cgcgcccggg1920 gatttttccg gg 1932 | |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126: | 55 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | |
| (A) LÄNGE: 3024 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel | 60 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 61 |

```
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
```

(!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

ςī

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa2640 aatacactta acacaaacct caagcttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta2580 ggagtttctc tegtategta tttagaagat tetgeettee ctagtagtag ggactgacag2520 aatocyaaya ytyatyocca cocaayaayt toayyayoty cogattoott coaayotttt2460 tgtgtatttt tgggccactc cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtcgcatgtc2400 tetttgetgt geetteteta etgatggeag tgttttaget getgggaeae atgaeggaag2340 agigadatic tagadaatia atgaggatia tecagigeaa gitgeaceti igageaatgg280 acgatotyta tottttagoc atgatggact gcatgttgca agcottgctg atgataaaat2220 rdddcsccrd rrcccccsc crscrcssr srrdcrdds ddsdcsssrd sccddrdddrs160 atcttatgat actcgagtat atatctggga tecacataat ggagacatte tgatggaatt2100 acatoaccat gatgtggtag cttgtgactt ttctccctgat ggagcattac tggctactgc2040 tttattgcag gttttccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacgga aactagaagg1980 tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt1920 ttotttaaat tactcataat ttataatgot taatataatc ttaattaaat ttagcagttt1860 tycatytoty cottaattaa ottaaagact gattttaato tyactatyao actyagcata1800 tattttatgt ttaggottat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt1740 taattagtet ttggaataa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt1680 adasasasas qaqaaqqqqq tttqtaqtac ttaaccctat ttatttccqt atattttagt1620 aacaatttyt taaccttacy ttttctytct ytatatttt ttaaaaatct gytaytttct1560 gttggtgacc caagcctatt gtaaacaagt gattatotoa aagggagatg ccaatggagt1500 tttcatttgg ctgtgaatat tctatttgct tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaal440 catasaatag cattttcatt ttgtaatgtg gtttaacatc cttgttgttt gccaaagaaal380 tagtttggga aaaataagat ggttaaattt tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt320 atatgaactt attottaaat aattgaaccg ttttatatto aaatgactta tgatcgtggtl260 agaatcotgt ttagagotat totgcacagt taactactga totttagaat ctaaaattgt1200 agattytett aggataaace tecaagetea catttaatat aacagaetga agtaaacatll40 atgtattgtg tetgtgcaga aaaaaaaa ccaaaaagga ttgetttact ccaagaggagl080 cagagatato ttacgtottt gattcaattt aaaatttgta ottattttot tttagaaata1020 geaasgeatt tyggetteeaa atggtteete tgtgetattt tttggaatte ttteagatte 960 gagtaaattg attttccagt tttatggaat tgggagtctg acaagtgaaa ccaatttaat 900 officetic titticiti tittaaaylaa titoococac agtaaaatac actgactoot 840 troggetges agginated tacgtacaes ggigetggte gatgtecaet tretgettt. 780 dradosrore radorescoda doradadado scorrreces radasrassa rescorrace 120 гдаддггагд сгддсассас годовсасад додовсанд другинг другинг басадавада 660 tgitticcat atgctictig ctitccctgi cacaggiggi ggcagcaata tiggigigat 600 gttotttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgotatt ttaggotgtg 540 aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagttt aaagcaagat actcagttta 480 acaatacact ttgaattaat ggggggggggg aggctagttg aaatgcattt tatttaccca 420 ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atggttgaag tocaaataca tgtgataatt 360 agggttatgc ttattgatga actottgtag ttgtttacca gototgttag tatagttaaa 300 tryatattyt ttytottaca tagcatacot atagacagot taagtaaagt gactyttaag 240 aagtaactta aaataatata aaaatagcac toatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180 coagtitgot gitttaaag tittgagico cagotggico tgiacatita actgaaaaa 120

atatatytta agacattoco ttgotaatta ttttottoto tgttgttota tttttttggt

| tattattat agacaataga agtatttotg aacatatcaa alataaattt ttitaaagat2700 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alltagalul aagctgotat atgtigaaig2760 gaccottttg ottitotgat tittagtiot gacatgtata tattgotica gtagagocac2820 aatatgtato tittgotgtaa agtgoaagga aatittaaat totgggacac tgagttagat2880 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggogg gcaaatcaco tgaggtcagc2940 agtitgagac tagootggoa aacatgatga aaccotgtot otactaaaaa tacaaaagaa3000 aaaaaaaaaa aactogaaac tact | S |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127: | 10 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 505 Basenpaare(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 25 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: | 30 |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127 | 40 |
| ctgcacgggc gcagatgtag gcaccggtcc gagtgcctgc cctctgtccc cgcggctggg 60 tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120 gtctgttgtt cccagcgctc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180 gcaggacagg aaaaggaggg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360 | 45 |
| gggcaaaaca ggagatgagg aaatgttaaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420 ggcaaaagaa ggaaagtcag agagggaggg agagtcagag atggaggagg tcgagagaga480 gggaacccga ggtaggggaa gcgga 505 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128: | |
| (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | 6: |

DE 18 18 620 V I

| | | 59 |
|--|--|-----|
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131: | |
| XFW IPTIAACCIETSO SES BCFPSETIAN 60 | WAIECKKPYÖ BHEIFISINI EKKYBIKEEY YMKYKIE ABIHKBIDMÖ KKIFIMSCBE KKEDEIBEIA SIEWIDYYKA KWBAKIS ÖAYWGSISGI BIYYGSCEBI CEBDASSSIB IIBSSDIKBI NGECIKB | 09 |
| | (xi) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130 | |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | SS |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 0\$ |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SÞ |
| | (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| | (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren | O, |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130 | |
| RPL RLPMATCYSA60 | DÖKKLEBELA VTASZWEBEA CA AKDCYBCTSC CEAĞNBEITE KSETTASTKD EELSTSHNIK ÖTBYYKK | 35 |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129 | |
| | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 30 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: إمّ | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| | (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | \$1 |
| | (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129 | |
| MAZN IIPGFSKSSQ 60 | PPLERLEFEY LRKEISTSTA EIRKWYRFGQ ILLYEMDPHT TSELIQA | 01 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128: | |
| | : | S |
| | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |

| (A) LANGE: 53 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 1 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 1: |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131: | 20 |
| GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPRFFLSK NWP | 53 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132: | |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren | 2: |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 3: |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 4(|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132: | |
| LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133: | |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HEDKI INET: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| · · | 65 |

DE 18 18 620 V I

| (A) LÄUGE: 87 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRAUG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | S9 09 |
|--|----------|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136: | |
| LIK BIBRSBFIES KYNÖLMBBTE CBBTSBCSCN LESEBALLAK NKNISKFECB BTFKKIÖWNSQO | SS |
| (XI) SEGNENZ-BESCHBEIBUNG: SEQ ID NO 136: | |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 0\$ |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | SÞ |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01⁄2 |
| (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren | SE |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135: | |
| XXKWLEAKTŌ GCAHIIKELK EEALBEŌTKT WELZGEĞIXE KGEGCEZ TOJ PDBELZIDIE ŌGCIDWYFYE EKYFKZEĞEE HEEEZZDXEK KÖEXIKFIEK KFIEKNBDEE 60 | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134: | |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 57 |
| | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | \$1 |
| (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134: | |
| KKKBBETATT N22TCBAC2C EKIKTKMTID KTTHTBWNNH Ö | ς |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133: | |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136: | |
| LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60 PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137: | |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137: | |
| EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60 EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138: | 45 |
| (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138: | 65 |
| | |

DE 188 18 620 V I

| | (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
|------------------------------------|---|------|
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141: | |
| | GLÖHKETESŐ THALTÖSKTŐG SK EDŐKNSLEŐK YKESLŐKATE EKWAYEŐŐTŐ SLŐKSLYTYE ŐKCEEMKSŐL BYDŐKŐGKLL ŐKŐETKLSDK HŐGŐTNEDKT KGKTKSTENŐ TLLCLŐKLSE | SS |
| | (XI) SEGUENZ-BESCHKEIBUNG: SEQ ID NO 140: | 0S |
| | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | SÞ |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 01⁄2 |
| | (A) LÄUGE: 142 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 32 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140: | 30 |
| | SWEKWINENI IKI LYSIFICÖNC CIFYETELGT ÖSKMSLTLHH MIKATNINKG KAFNIÖEMIÖ DIKÖDÖCKÖK ICIEFKSICH ITLIFTÖKIK CSMMSLFSSE IFENIIEIKA | |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139: | 52 |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 50 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | SI |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139: | ç |
| <i>JJ</i> CK2IA2KM5 <i>B</i> 00 | DIBKIĞILCI EMRCEKR NRRYREBĞEM BURBIYALEM XBEAGITLII RHWERKHKID KADHĞIHKAL | |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|--|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | : |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141: | |
| VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60 LHSFSPPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120 | 1: |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142: | |
| (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 29 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 3. |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142: | |
| SCRPWVPKLQ RSLSPLKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60 LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97 | 4 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143: | |
| (A) LÄNGE: 783 Aminosäuren | 4. |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 6 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143: | 6 |

| 091221A99W2 | EDHKEBICES ENTROCETKE LECCHZEIKE INTYNKI SESSICAKNI TEILEKEYTK EESSWIAIMI ECDARAKYCE KCAKKESHKM | 59 |
|---|--|------|
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145: | 37 |
| | : (vi) HEBKUNFT: (vi) HEBKUNFT: | 09 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | ss |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0\$ |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145: | SÞ |
| VPRDSRPPTY60 87 | PREPREPERE BARKLACDET GETAĞER KANAGAMALE BENAHLECEG | 01⁄2 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144: | |
| | : (AI) ORGANISMUS: MENSCH (AI) HERKUNFT: | SE |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 52 |
| | (A) LÄUGE: S7 Aminosäuren (B) TYT: Protein | |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144: | 50 |
| ADŐKTIZETKJS (| KLD KELGWIKNDE EWATIDADI'S AKÖKKEABIL WKSAEDI'DI EÖSBIKDWEN DEKIESECKW YIBKISAILI EGBANNSLWK IDHEÖTDNEK BWBAADDEDI | S1 |
| EKKSKŐEKEKEO SKBLYSŐLED240 BSLKYYSOLED240 | SKKKKGCKLE ÖDGJÖKBINK HEJÖSBKKZA YDITGSEEGK BYTTIIJYBK ETÖAGNABIK KYKESKKHEK IEKBEKEKK KWKNENPDKI TKSEKÖWKKZ EKDNBWDBKE HCHKDBNAAB GBBKBYEKB BKKKYÖDKII ZNEJEEKJDI ILYBKBSAZE NIJBBSKKDÖ HKEKBÖLLKK BSKYLZIEZE LNYBBLIIZE | 01 |
| KIPYLBYFD300 BÖKCEAÖKCK300 LISPBHPZEG180 WEZDINGPYAISO | Obestbert Perdegere Release Percent Persent Pe | s |

DE 18 18 620 Y I

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146: | |
|--|----------|
| (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 1: |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146: | |
| ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60 AANPFPWKRF SHILSHLKKT HTPTTIF 87 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147: | |
| (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 3: |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147: | |
| NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60 NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSKKPTH PQPFFKAPR 119 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148: | |
| (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 55 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 65 |
| | υ. |

DE 18 18 620 V I

| | 59 |
|--|-----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151: | |
| LITENTIK CODNÖKCATYEL TETELWIFE TATGEKCHDE CCDNÖKCATYEO | 09 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150: | |
| : | SS |
| (vi) HERKUNFT: | |
| | 05 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | St |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren | 01 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150: | |
| GYCHCCSET DEBSHRÖTCE CCHEWALERA GYBYHEMIRÖ ÖLCMHILBRY BURNIWUYED RAIRKALHBKEO | SE |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149: | |
| : | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| | 57 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren | \$1 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149: | |
| STEKILIHЫГ ЬЬЎКИЬНІНИ НЕГКЬНС SZKCIVIDLE LHBAPCSEDIEO SZKCIVIDLE LHBAPCSEDIEO | 01 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148: | |
| • | ς |
| (A) OKGANISMUS: MENSCH HEKKUNFT: | |

| (A) LANGE: 57 Aminosauren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | |
|---|----|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 10 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 1: |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151: | : | 20 |
| HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY | 57 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152: | | |
| (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren | • | 25 |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | : | 3(|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | : | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152: | | |
| SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFPD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYOM | 57 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153: | | |
| (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren | : | 50 |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | • | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| | • | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| () Commission management | 6 | 55 |

| | | 59 |
|----|--|-----|
| | (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156: | |
| τε | GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T | SS |
| | (xi) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO 155: | |
| | : (vi) ORGANISMUS: MENSCH HERKUNFT: | os |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | SÞ |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 017 |
| | (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155: | |
| 32 | LKBFANKSWH PCFIBFIAF HSEFIDSDAI HE | 30 |
| | (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154: | |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 57 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (B) TOPOLOGIE: linear (D) TOPOLOGIE: linear | S1 |
| | (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren | 01 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154: | |
| 32 | TKITITAPZI BAZIEKSZDE IZEMTITIIK GC | ς |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153: | |

| (ii) MOLEKULTYP: ORF | | |
|--|----|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 1 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156: | | |
| VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYF ISLLLNIFYT YL | 52 | 1. |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157: | | |
| (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | | 21 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 2: |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | : | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 3 | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157: | | |
| TGTFCFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP | 59 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158: | | |
| (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | 4 | 15 |
| (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 5 | 60 |
| | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 6 | 0 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158: | | |
| LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR | 38 | 5 |

| | (vi) HERKUNFT: | 59 |
|-----|---|------|
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 09 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| | (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SS |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161: | 05 |
| Þ Þ | KKTBEÖHCHK PAAAPAKTHE PKIÖHFPGIE DZBKBEBFZA BKCE | |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160: | SÞ |
| | : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | 01⁄2 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 32 |
| | (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160: | |
| 33 | CZITDWWŌEI ZZMZŌKEBEG VAETENCAKT NNZ | 52 |
| | (vi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159: (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 50 |
| | | 51 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 01 |
| | (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ς |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159: | |

| (A) ORGANISMUS: MENSCH : | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161: | |
| AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60 TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120 VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180 INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225 | 1 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162: | |
| (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 1: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162: | |
| CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60 QTCRHGDRGL WTWAAHFWRE LRSGTARKSI KSQNSVFVS 99 | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163: | |
| (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163: | 33 |
| LRSCPKLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60 | |
| CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120 | 60 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164: | |
| (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren | 65 |

| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 59 |
|---|-------------|
| (iii) HYPOTHETISCH: Ja | 09 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: T7 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | S \$ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166: | |
| SPGTPTATHI BIPPSEGISG SEAGSAPEĞĞ ILBEHICBEK GSGKSCĞESC SBGAĞGFGGIQO AUHGDETICT IDTĞABKHEE GKFIBKĞKGE ILBEHICBEK GSGKSCĞESC SBGAĞGFGGIQO | St |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165: | |
| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 01⁄2 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | SE. |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165: | |
| TSTGPSSPLV ASARTELAAF AAAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60 | 50 |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164: | |
| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | S1 |
| ыў :HYPOTHETISCH: ja | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) 1YPANG: einzel (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ς |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

| SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60 SSVAAEATRG LEGPVLV 77 | : |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167: | |
| (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 20 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167: | |
| TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60 DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120 WNSEEIQQQI WIPSVFIGER SSEYLRALFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180 LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240 RVLPCAHAYH SRCVDPWLTQ TRKTCPICKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300 | 30 |
| ASERTPLIGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168: | 35 |
| (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168: | 55 |
| QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREEKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQEESDLEKK 60 | |
| RREAEALLOS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120 ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKEDE EEDDDVVAPK PPIEPEEEKT LKKDEENDSK180 APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240 AKLSLNRQFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYNNN EDAPHEPDGV ALVWNMKYKK300 TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVGGT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAAHTH360 | 60 |
| PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSHPQDSM ELVHKQSKAV AVTSMSFPVG420 | 65 |

DE 188 18 620 V I

DAMNEAACRE ECRALIPCEH CREVEIREME ECHOCELLEI HCHYPYCCPAC ERHTEALRRETSD

| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 59 |
|--|------------|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171: | SS |
| CDEDAGLCZI ANAGCHATĞN BACBLETCBS SKIKSADSIA ĞHGIIWKSTS SSIEB | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170: | 0\$ |
| : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | \$\$ |
| fi:) HYPOTHETISCH: إمّ | 0 ‡ |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | OV. |
| (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170: | 30 |
| EHAEÖTSHSE TSMBKDIIÖB GSKDEAKBGI HAFTMSKCBH T | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169: | 52 |
| : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SI |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169: | S |
| PZIZAEGNBY TNKAKMIHZG KGGGCGGITK DKECKEWITG GYACMZBŐ 288 DMIAKTMILK NNKBFKZEED NYDKAKDAWM SBIHBYPEYG ACGMGYDTM NTNNDIEABIZGC | 3 |

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171: | 5 |
| KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN 50 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172: | 10 |
| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 29 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172: | 30 |
| CTFNIESFIY LIVYRTFHNY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSEG60 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173: | 35 |
| (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173: | 55 |
| EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60 EKGITLS 67 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174: | 60 |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren | |
| | 65 |

DE 188 18 620 V I

| | 59 |
|--|-----|
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 09 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SS |
| (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0\$ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176: | |
| IHM2Mb2XBT CbB2HBbcIO LOBEOSIKAP ACS2NHCEXS BSTTKIIAAT TSILTCK 21 | SÞ |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 0Þ |
| ii) HYPOTHETISCH: اَهَا | 32 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 30 |
| (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175: | |
| TAHIIBKHRA DÖHKMAHKNE EEFGACKHIC REIRAAKLAN ÖKDKLEEFAE AIEEFN 20 | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174: | |
| (vi) HERKUNFT: | \$1 |
| iii) HYPOTHETISĊH: اله | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ς |

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176: | | |
|---|----|----|
| GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP | 54 | 5 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177: | | |
| (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 20 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177: | | |
| VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT | 45 | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178: | | |
| (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: | | 4: |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178: | | 51 |
| YLKLVPMLGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV | 43 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179: | | 5. |
| (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 6 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 6 |

DE 18 18 620 V I

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181: | 09 |
|---|------|
| : (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | ss |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | \$\$ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181: | 40 |
| DEFINITERS EKCE LCTICHERSI STEISINDKW KKITIISTIE KSCHENWETS EKATINKEHE IKIÖDITGIEQO | 0, |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180: | 35 |
| : (A) OKGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 52 |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 07 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180: | S1 |
| GSITDWWÖEW CKGGÖKEBBG BAEFBNGIKT NNI | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179: | 01 |
| : (AI) OBGANISMUS: MENSCH (AI) HERKUNFT: | ς |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |

KD2DF2HAĞA K2VELCGAWK LIKĞKEKĞGL KAVD22KGBD EVKIKYFTEK LGILFDALLGT50 2KKLĞGEVZI KEBĞBDIGĞ DEZYZYĞĞG FAYH2DFDEK YIEYTKELME DGYTYATĞĞE 00 59

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LPLMMCPLTC130

| LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMMRLFYGSI S EEFSKVTEGL TDVILYHQPD DKKKNRGFCF LEYEDHKTAA QARRRLIEW | PKSKTKEQIL240 289 | |
|---|----------------------|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182: | | 5 |
| (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 10 |
| (ii) MOLĖKÜLTYP: ORF | | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182: | | 25 |
| KLCTEWLKVG GIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV | 39 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183: | | 30 |
| (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183: | | 50 |
| EAVMTLILIL HTYFLTQPYS NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL | 42 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184: | | 55 |
| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 65 |

DE 188 18 970 V I

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187: | 09 |
|---|-------------|
| SETTEMBND HYPONASIFW CKTEKTYMAK NMKCCLDEYA NEKEKTYKTW SAEKGKYNEN NFNNÖAKNALIQO | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186: | SS |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | os |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SÞ |
| (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0Þ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186: | SE |
| SPUSEPIRMO TECSACHECH ASCREEGHSI KEKIQ QOHHLPQSLG FLUKKEIVEL TWLLRLIKIA LPLKYDISEA VLULKLVASS VPHEQFLYQA60 | 36 |
| (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 185: | 30 |
| (vi) HERKUNFT: MENSCH | 52 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | \$ 1 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185: | 01 |
| DSESELLEIS SENETLIQUK QSLPRQLPLI HLHIPPTENH SVHNEYSLHT SYLLIELTUK60 | 01 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184: | _ |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH : | ς |

| (A) LÂNGE: 77 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | : |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | t: |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187: | 20 |
| GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKWVVS GGRPVGFAFG YCYLGAHSKC60 SGVWDSPKGF FRHLTNS 77 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188: | 25 |
| (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188: | 45 |
| RSRFHMMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA 46 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189: | 50 |
| (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 65 |

| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 59 |
|--|-----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192: | 09 |
| BÖLECELEWI BKBSALLIBB NISIBECKKA AMBMKSBKIB WGBBBBGD #8 | |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191: | SS |
| (vi) HERKUNFT: | 0S |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SÞ |
| (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 017 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191: | |
| EAGEDON ECKEPGEDE ÖSETETISEG HSEKHKEDDG ILCAPSSONDI EELEESAGEE BEITKHYBEB100 | 32 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190: | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | 57 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | \$1 |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190: | 01 |
| EKDŐE : 0 000 CEZIIBBHKD KMKALŐGF22 FZIKKEKEKM AIKKGAIKŐZ ABKEALBGAVEO | VI |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189: | ς |
| : (Y) OBGYNIZWOZ: WENZCH | |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192: | |
| RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGVI60 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193: | |
| (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193: | |
| SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPPA SDLL 44 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194: | |
| (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194: | |
| | 65 |

DE 188 18 620 V I

| (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | S9 09 |
|---|-----------|
| INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197: | (2) |
| SPHCÖBY BSBNÖSSKK EKHSVILSEV PTTAQHLTYP TVTGSHTYTY HLEDTSSGRA EGHYAAEHSR120 GVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKUM TVTGSHTYTY IQRNLHTCTH TGRYRHTVPP 60 | K |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196: | os |
| (vi) HERKUNFT: | : St |
| iii) HYPOTHETISCH: ja |) |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 017 |
| (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | Sε |
| INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196: | οε (S) |
| WEEFFISTL PASVKMRLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115 | |
| (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 186: | 72 |
| (vi) HERKUNFT: | : 07 |
| ii) HYPOTHETISCH: ja |) sı |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | _ |
| (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195: | (S) s |
| PERHIRBEL BIBIRSERE ECGEGORHED GECIMIDD 88 IMMGPATDN IMBHETLIRA TGERHEANHI REIIMWENGE ÖKERCCKKOI KITCCECMETON | |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
|---|-----------|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 5 |
| (vi) HERKUNFT: . (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 1 | 0 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197: | | |
| FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL | 46 | 5 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198: | | |
| (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | .5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 3 | 0 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 3 | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198: | | |
| YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL | 55 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199: | | |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 4 | 15 |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | ,, |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | <u>.</u> | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | • | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199: | | |
| RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHRFWPLIP NSFPHNSVFI VSMKCLESHR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI | L60 95 | 65 |

DE 18 18 620 V I

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

| | 59 |
|--|------------|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SS |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202: | |
| ASESGNITKE GCSTPGL CIRRMEKCY TMSQCVLELP FSNANLPSCH ISPHPWTRFC60 | 05 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201: | |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | SÞ |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 07 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SE |
| (A) LÄNGE: YY Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201: | |
| bnnckscheb ky Kbcaebetek Keddsetökk ağcmcemmse ckepeekcss kihmdiaihe nhitiekcmbeo | 57 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 50 |
| (vi) HEKKUNFT: | 5 1 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 01 |
| (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | ς |

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
|---|----|
| | : |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202: | |
| EANTFLSEDG SNVLQCPSVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203: | |
| (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | l: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 2 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 2 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 3 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203: | |
| PTTTLVIPLF FLSSRKRKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTPY FSEVLLFHGV60 TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84 | 3 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204: | |
| (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 4 |
| • • | 4 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204: | |
| CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTECAP PGPANCFFNF FFFFFLVET 60 GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120 GGLCEGKD 128 | 6 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205: | |
| | 6 |

DE 188 18 620 Y I

| (vi) HERKUNFT: | 59 |
|--|-------------|
| (iii) HYPOTHETISCH: إمّ | 09 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | •, |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ss |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207: | 0\$ |
| PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49 | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206: | SÞ |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 0 t⁄ |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 38 |
| (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206: | 57 |
| TEMKKKIZEK AGALLMAFEN TAPCEGKTÖC KTÖKAN METSAKGKIC ETNITSDNKA60 | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205: | 50 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | ۶ì |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | S |

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207: | 5 |
|--|----|
| QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPAV RRWGGRLIYE GAHPPI 56 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68: | |
| (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 20 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208: | |
| CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPDS WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60 GPQNPGNL 68 | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209: | 35 |
| (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209: | 5: |
| WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRVCQSL 60 INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRRI120 INLGPVMLIS EGTTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210: | 6 |
| (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 6. |

DE 188 18 620 Y I

| (vi) HERKUNFT: | 59 |
|--|-----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 09 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SS |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212: | 0\$ |
| CGDEZE TRANSPORTE DATÖBWKBIA SDNSTSNSKG ECKBDTKEGG KSKCKTMBEI KKNKTWSTTI180 AKKBEEKKIA BWCESWKIAF EADBÖAIBII CKCTDCIAKY FESIDÖKNDS ÖTAIEFAKKSCTSO KKMITISWSÖ KKWIKKBDNK TKAALKMÖKI FKÖILHBESK NSIWSSWNII ITISBISSKK 60 | SÞ |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211: | 0⊅ |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | SE |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 30 |
| (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 57 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211: | 70 |
| KÖKNATGEYA KYELDLGEELK ENDEDNYBT LERKWKELYH SATGSDYNDA ALLABEDEGET80 PGDKALBYAA YKSENEELAG TYPKÖSKIKN ISNLAWKAKÖ ITGKSSEDBÖ YÖKKIYESKCISO | |
| SSAVPDGAVG RPVAVAGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60 | \$1 |
| (xi) SEONENZ-BESCHKEIBUNG: SEO ID NO 210: | |
| : (vi) HERKUNFT: : | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | S |
| (!!) MOLEKULTYP: ORF | |

| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
|--|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212: | : |
| ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213: | 10 |
| (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | l: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 20 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 2: |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213: | 30 |
| DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60 LLVLLTLL 68 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214: | 35 |
| (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214: | 5: |
| TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215: | 6 |
| (A) LÄNGE: 276 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 6. |

DE 188 18 620 V I

| : | \$9 |
|---|-----|
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 09 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SS |
| (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 05 |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217: | |
| SESERSEANLEM GELLEKHEEV EESLMSFEHP DLHLMNPRALI STQFLYSVF 49 | St |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216: | |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 017 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 32 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| nenušsonimA 64 :∃ƏNÄJ (A) | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216: | |
| ELÖCCCLECTA KECAADMIRÖ AIWAEHBYEE KAFKRA PIEHERMRIE TITNÖTEĞIY ETGIIRHEKI RIĞKÖRKHWK ÖLTRIKKLEK AIGEMÖNIPDS40 NHHAKILETE ETRWACGMII KERELIKTRRH CYLLEKEDET MIKINĞIAYC REMAIFUTINT180 EEKKANILIT YELGRIDEKI ECIRCIEKE TERTHCHACN CCAYFKDÖHC IMIGKCIGEGISO | 50 |
| PERSONALISM PERSONALISM FEBRUARY SCHAPENDER TOPGETRASE 60 | ۶ī |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215: | |
| (vi) HERKUNFT: Ö HERKUNFT: Ö HERKUNFT: Ö | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | ς |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217: | |
|--|----|
| KEINNYIRKE KNFKYLQPST PNHPQDRWVQ KNAPWFY 37 | _ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218: | 5 |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218: | 25 |
| KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS 52 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219: | 30 |
| (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219: | 50 |
| DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSDI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60 KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120 SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150 | • |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220: | 33 |
| (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| | 65 |

| ыгсарбубсг скимьсаььг енкеуулуке 30 Сгимивьые кігазалы гимературы алибууным прекергисьео | |
|--|------------|
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222: | S9 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | 09 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | ss |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | os |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222: | SÞ |
| BESTHEHBEC TMETSZALIC TKS NSKTADCKWE LMITSHMASE SICASCMCAA WIASFILHCI KMÕÕDIFTHK WFFETÕIBEÕCO | 0 † |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221: | O, |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH : | SE |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 57 |
| (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren | 70 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221: | |
| ÖLZGEBEKZŐ ECTYPMMATI YME NKMNKZKTGK EIZKALŐZID BYÖTYDBCHZ TYAYYZICZI KGEBGÖCEBZ BMYMZIHZGKQO | ۶ì |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | ς |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223: | |
|---|-----|
| (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223: | |
| QSLRHCWLNI SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVFLVRTRR GCQMPLKPSG LVWPRAAGQG 60 RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224: | |
| (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224: | |
| GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60 IDKCRQQLHD ITVPLEVFEY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLLI120 QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225: | 55 |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 65 |
| | U.S |

| (iii) HYPOTHETISCH: إمّ | |
|--|-------------|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 90 |
| (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | \$\$ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227: | 0⊅ |
| SIKMÖSLCHB MMASCBKBWB LIBLESK GITCCMÖKCW AKCBBLISTEQU 81 | UP |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226: | Sε |
| (vi) НЕRKUNFT: : | 90 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 57 |
| (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226: | \$ 1 |
| ITSHALBKKLE BKLINÖÖYEK EIHGADIYEN ITIES GÖLWELEGIB GASBYÖSHIR BKAYSYIYAAB YSBBIYAAGD IHLGBARMIB BBAIIDBDYSQO | 31 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225: | 01 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | ς |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| DE 188 18 620 ¥ 1 | |

APATATOPPL SLPRGTGPAY LUSLTIMLQT WLLDSKLLSS UVLLPHFHFL HICLLLWFL60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

6*L*

59

09

SS

TTNTXEHRMA TCTBBEERY

| (2) INFORMATION OBER SEQ ID NO. 226. | |
|--|----|
| (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228: | |
| RSMSVEASFV CLGTTGRCCH WSCRLFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60 LPVQHPMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229: | |
| (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229: | |
| ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60 LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120 IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAAKH | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230: | 55 |
| (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | 65 |

DE 188 18 620 V I

| Tb | SPAILBEWAM BYMBAFELLE BATEKAIDLG LKLKQMPLLR P | |
|------------|--|----------|
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232: | ~ |
| | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 95 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| | (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | St |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232: | |
| PRSKTKTK60 | БЕЛКІГКВУК NГБІЛ SELGIHБCSE ЛХІГУКССЕБ ELLAECSHHI BOCГУСКЬГЬ IXXГУСНВКЗ XB | 07 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231: | |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | SE 30 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 52 |
| | (A) LÄUGE: 75 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231: | |
| | | ۶ì |
| τς | KEAKHIBITI CTHICIMITZ LANGKAÖZZH ÖKMZGTÖLIL AFIBCTZÖKK F | |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230: | 01 |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH : | s |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |

| (2) INFORMATION OBER SEQ ID NO: 233: | |
|--|----|
| (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233: | 20 |
| DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60 QTDIQTDNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120 IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180 RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234: | 30 |
| (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234: | 50 |
| SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKGI STKFRYSVF 49 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235: | 55 |
| (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 65 |

DE 188 18 620 V I

| | | 59 |
|----|--|-----|
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238: | |
| LS | KIRKSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGR RVLKKIQ | 09 |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237: | |
| | | SS |
| | (A) ORGANISMUS: MENSCH (AI) HERKUNFT: | |
| | | 05 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | St |
| | (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0⊅ |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237: | |
| | • | SE. |
| ÞÞ | KESSKDDBIS BEBSIIIÞEF KKITSIKNÐF ÞFSÞÞKKMÞÖ KNSI | |
| | (xi) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO 236: | |
| | : (Ai) HERKUNFT: : | 30 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 70 |
| | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| | niətor9 :9YT (8) | ς۱ |
| | (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren | |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236: | |
| 33 | KEINNALEKE KNEKATÕBSI BILBÕITCBK KEH | 01 |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235: | |
| | : | ς |
| | (vi) HEKKNNET: (vi) HEKKNNET: | |

| (A) LANGE: 44 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | |
|---|----------|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 1 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | , |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238: | 2 |
| GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP 44 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239: | |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 3 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 3 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 4 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239: | |
| NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAA160 SVHPWKRSVQ NAGS 74 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240: | |
| (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 5: 5: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 65 |

DE 18 18 620 V I

| ii) s | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|----------------------|---|----|
| C | (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| l (S) | S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243: | |
| AGA Z | #BPTEPSSVA PQATRGLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPPG LRLVQWLPST 50 | 09 |
| ĸ) | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242: | |
| : ⁰ ^) | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| ; !!!) | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| 0 | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| S | (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren (B) TYP: Protein | |
| l (S) | S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242: | |
| OTS 0 | STGNTCQFSC TTGYQGAEGT SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH 50 | 20 |
| () | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241: | |
| : sī | (vi) HERKUNFT: | |
| iii) oa | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| !) | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| Şī | (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| 01 | (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren | |
| l (S) | 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241: | |
| S GAC | CYCEBINÖBE IKMRHAKÖTZ MCCCIEADŐH MZTŐBBCZTM CN 45 | 42 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240: | |

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 5 |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243: | 10 |
| AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQQRRGGLQ ARRSTLLKTC 60 ARARATAPGA MKMVAPWTRF YSNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120 DQYNFSSSEL GGDFEFMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180 TLP 183 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244: | |
| (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244: | |
| CQHVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRSVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60 QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120 DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245: | 45 |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |

| | | 59 |
|----|--|----|
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248: | SS |
| 32 | EPEREMITE PENCCEPEDE WEĞGETWEMI BE | |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247: | 20 |
| | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | St |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 01 |
| | (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247: | |
| 52 | TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS | 08 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246: | |
| | : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | Si |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 07 |
| | (іі) МОГЕКÜLTYP: ОЯF | ç |
| | (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246: | |
| īÞ | ексібрикеь сьмезьягон дезьзяваг екебгегсял л | ς |
| | (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 542: | |

(iii) HYPOTHETISCH: ja

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 5 |
|---|----|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248: | | 10 |
| GKGIQGMRGP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V | 41 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249: | | 15 |
| (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249: | | 35 |
| HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF | 25 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250: | | |
| (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 43 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 50 |
| () | | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250: | | |
| TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS | 29 | 60 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251: | | |
| • • | | 65 |

DE 188 18 620 V I

| (vi) HERKUNFT: | 59 |
|---|-----------|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 09 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SS |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253: | 0\$ |
| KECCCCCHIM LIFLELEMIT EWALLKIAÖT HIZEHAC CADCELEVET BHIWHRYCCV VALITATWEB EKBIÖCIEWB IGEÖWBKÖIG AACEFRDEABCO | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262: | St |
| : (AI) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | 01⁄2 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | SE |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252: | 52 |
| KEYHEMMGYD GÖYDKTCTER E 87 YIKIALBKÖKM REHCEKBAL STATTKCGMG NKGKIEYEDY ERTCRRYD CEDAÖKEIHIQO (XI) SEĞAGENZ-BERCHKEIBANG: REĞ ID NO SQ1: | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | SI |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | S |

:

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253: | |
|---|----|
| LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYP RTIVPKSRVF 60 TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254: | 11 |
| (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 1: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 20 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254: | 3(|
| IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255: | 35 |
| (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255: | 55 |
| QVDTLISTRK GLKLQNQCSL DSQTNDFSTV TPGID 35 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256: | |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 60 |

| | | \$9 |
|------------|--|-----|
| 3 € | IMDATETKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLW MELS | |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258: | 09 |
| | : (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | ss |
| | (iii) HYPOTHETISCH: Ja | |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| | (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SÞ |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258: | |
| LÞ | biankechar öndacheeac deekiksade lyöhelirki reseled | 01 |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257: | |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH : | \$8 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 57 |
| | (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 50 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257: | |
| Τħ | IKPORHRITM GKGHFLGSEY DLQUGPCGLG IYPYAVPWSU A | \$1 |
| | (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 526: | |
| | : (vi) HERKUNFT: | 01 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | ς |
| | (וו) אוטבאטב ו זיף: טאר | |

| (2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 259; | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259: | 20 |
| KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LFWTSFTKPK PAR 43 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260: | 25 |
| (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260: | 45 |
| GSVKVPASPR PGGTSLLGPV AAKELSFSRP NGRRGQLPRP PGSLTLLLFF SSPASRGPAS 60 LSPGGIRLLL PPPPHLLPGQ PACPAAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120 GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180 KTVKGPDGLT AFEATDNQAI KALLQ 205 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261: | |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ia | 65 |

DE 188 18 620 V I

| S | | |
|------------|--|----|
| | (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren (B) TYF: Protein | |
| 0 | (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264: | |
| | HDIIRACKIK REFLALENE AMINKHRDCN ÖHCRCÖRÖKR VNEKWADDEV KC | 25 |
| S | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263: | |
| 0: | : (VI) HERKUNFT: | |
| Si | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| , | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| 01 | (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| Si | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263: | |
| | rcbeöcmrös rcreiðisek nikekrrie biewwscö | 38 |
| 08 | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262: | |
| Sõ | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| 07 | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| S 1 | (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262: | |
| 01 | IMLVAITVLI YPNFIQEYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLPVW ALLFFCLLAL ILTFKG | 99 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261: | |
| ς | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | |

| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
|--|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 5 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264: | 15 |
| RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMQPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60 IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120 RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTPPEDYRL180 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265: | |
| (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265: | |
| VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60 FLQPQGSMTH SACHKEGW 78 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266: | |
| (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 55 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 65 |

DE 18 18 620 V I

(XI) SEGNENZ-BESCHKEIBUNG: SEG ID NO 786:

| | | S 9 |
|------------------|---|------------|
| | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| | (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 09 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269: | |
| 95 KKÖÖKKTINÖ | NIDEMBNGENC ECDEGETSAR TÖETIDGÖTT IE TAXEKĞELKE BEKBSEHAKB DIĞDITBDÖS ESIEATTEEC TCANECETĞN | SS |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268: | |
| | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 0\$ |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | \$7 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0Þ |
| | (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren | SE |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268: | |
| _ | CMCBATDECWBCGÖCKFXÖYSTTSEBTEWGÖACSGGHSAKESEGEGBGEKGKKSGGBWGSGAKAGDAGIMÖEDHTBÖSTGELTAKKEIALTSMTTETTKTYTBTKKDISEVATATKT | 30 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267: | |
| | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 52 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (D) TOPOLOGIE: linear | 12 |
| | (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | 01 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267: | |
| 07 | ATPLCCMING SLIPGVEEIC FHIDEPEPLP SDATYPLIPT | S |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|---|----------|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269: | |
| NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILFK CFKIQSIVFK 60 VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLSKHLL SGA 103 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270: | |
| (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | 20 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270: | |
| FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSSIIKE60 LCFYQRSLPS EFLHKLMPSL QL 82 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271: | |
| (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 45 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271: | 65 |
| | |

| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | S |
|----|--|-------------|
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274: | , |
| LÞ | HAABANEHYC ISEPIHTASB EAKHAEFIBM FAEAFSSYNS STKSAYE | |
| | (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273: | 0: |
| | : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | S1 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | Ot |
| • | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273: | 08 |
| 56 | KIAENEMGNK ANKEGNYGWE AICHIW | |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272: | 57 |
| | : (vi) OKGANISMUS: MENSCH (vi) HEKKUNFT: | 07 |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | \$ 1 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | ٠. |
| | (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272: | ς |

TWCINITERET EYSATDERDE FALDR

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274: | 5 |
| (XI) SEQUENZ-BESCHINEIBUNG. SEQ 10 NO 214. | |
| QQHHLPQSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60 SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275: | |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275: | 30 |
| LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTÇAVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276: | 35 |
| (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276: | 55 |
| HAEQHMSILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60 SFLLRNPND 69 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277: | 60 |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren | |
| | 65 |

DE 188 18 620 V I

| (vi) HERKUNFT: | \$9 |
|--|------------|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| (A) LÄNGE: 10S Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ss |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279: | 0\$ |
| PREGMENTAGE BCC 133 MATTRACCRÓ HEBILZRIET IMETABNYCZ BEZIETEVAT IBSBAILWYÖ RREIBDBCBF150 BIÖLYBBKRZ BYIBCACAMD CADNECKICI ÖKMCGNBMCI RBÖEAGYRDC EBCDIRNIKÖ 00 | Str |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278: | |
| (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 07 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 32 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LANGE: 133 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278: | 57 |
| NAAATIKDAH DCÖSVELTSA LIFTKCNSSÖ KKLES ASAATIKDAH DCÖSVELTSA LIFTKCNSSÖ KKLES AIFEISBEKB STVALSCERW BÖGEBBHECN BKABSESLES ÖLBIBGIVKE DEGFVACAGKOO | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | S 1 |
| ы; :HŻSIT∃HTO9YH (iii) | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | S |
| I VI 070 07 0 4- | |

| (A) ORGANISMUS: MENSCH : | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279: | 5 |
| LKQHSHNQHN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60 IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280: | 10 |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280: | 30 |
| SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281: | 35 |
| (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281: | 55 |
| KFQCPLIVLS AHSLAHLFTY CLWLLFFYKG RVESSQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282: | 60 |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 65 |

| · | |
|---|-----|
| : (vi) HERKUNFT: | 09 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | SS |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284: | St |
| ISBKEWECZN EEAANŎGŌZD GZWGKE 80 AKZYNEGŎNE ŌŁIDGKZYD EZCAZHŁNE CKŎKHKBKIA KGKIZEZZKT BKHNKENZIEQO | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283: | 07 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | SE |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 57 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283: | 50 |
| EAKLIKKDKK IBLA LAKHIBTIIC THIAXGCESE LKAEMSHHSK DGFBCKAISI XXFBCHKLSX KBBSKNKLKEQO | \$1 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282: | |
| : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | s |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| DE 188 18 620 ¥ 1 | |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

| GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSN2D60 VIWSGQGWK 69 | |
|---|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285: | 5 |
| (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285: | 25 |
| LTTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286: | 30 |
| (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286: | |
| GKEPQPESNS IMVKFPTESS CEWVIRKNED PKDKNQRQMG SVTGSLSSIL NPIEYCGLTK60 CQGGD 65 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287: | 55 |
| (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | 65 |

- (iii) HYPOTHETISCH: ja 05 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (D) TOPOLOGIE: linear (C) STRANG: einzel nistor9: 9YT (B) (A) LÄNGE: 24 Aminosäuren 0۶ (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289: YEMIÖZDIEM WIKIÖZÖLEZ AEDECITDEH EZ 32 SE (XI) SEGUENZ-BESCHKEIBUNG: SEQ ID NO 288: (A) ORGANISMUS: MENSCH 30 (vi) HERKUNFT: (iii) HYPOTHETISCH: Ja 57 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (D) TOPOLOGIE: linear 50 (C) STRANG: einzel nietora: 9YT (8) (A) LANGE: 32 Aminosäuren (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288: EFSECSSELF ILHSODDRAG NELWIEFFSG MCSEBHKKDI FKLKKERN 81
 - (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (III) HYPOTHETISCH: Ja

| (A) LANGE: 36 Aminosauren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | |
|---|----|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 10 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 1: |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290: | | 20 |
| LILSYSEGKK NYSEIYLIRL ITGILPDISN GLRVFN | 36 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291: | | |
| (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 2: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291: | | |
| GFLIKYKLNY LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS | 30 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292: | | 50 |
| (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | | 65 |

| A) LÄNGE: 50 Aminosäuren | S |
|--|------|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295: | |
| ÖKIMÖKIVEK SIB 53 54 55 56 56 56 56 56 56 56 56 56 56 56 56 | 09 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294: | SS |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | os |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SÞ |
| (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01⁄2 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294: | SE |
| HEH AETSITEBÖT SÖTTANEKEY CHDDSHTTSÖ NECKKEMADS TSECAÖDEBC ÖLGELSSTIKCO | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293: | 30 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | 57 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 70 |
| (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | Şī |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293: | 10 |
| bebcklötim ktiliw. Cyktelcede palfenera banfahrari acklönködi teakkimale elalkuceecaeo | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292: | ς |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH | |

| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | | 5 |
|---|----|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 10 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295: | | |
| SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL | 50 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296: | | |
| (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | | 25 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296: | | |
| VLSAHSLAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL | 50 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297: | | |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 55 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | | 60 |
| • | | 6: |

DE 188 18 620 V I

| (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren (B) TYF: Protein | S9 |
|--|-----------|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300: | 09 |
| 2GEL3TA2TH E3EKGPTPGL T2KPGEGEBG MAINABGWIZ HBELBHZAZI LIWPKPEDPG BKGKMAIZAEQO | 0) |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299: | ss |
| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 0S |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SÞ |
| (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 017 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299: | 32 |
| GRAZAZETGE ME TKÖEMĞGZKI HINGZGEBZÖK HMGZNKELFE ÖZIGEGZÖFI GDGNEĞYKY EEGIZGHEFETSO BIGEBYZZYEG BZGZKZKZEE GKDGLYZEGI EKKHEMZEFZ ZIKEMIZĞZI ZZGIZDIFIC QO | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298: | 30 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (VI) HERKUNFT: | 57 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (b) TOPOLOGIE: linear (D) TOPOLOGIE: linear | \$1 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298: (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren | 01 |
| | |
| EAKILPRHKK LPTA CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRISY RPGSKHHTKS60 | ς |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297: | |

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300: | |
| GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQGQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60 TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVGSGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120 PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301: | 20 |
| (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301: | 40 |
| HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60 CCLRILFLC 69 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302: | 45 |
| (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 55 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |
| | 65 |

DE 18 18 620 V I

| (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren | S |
|---|------|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305: | |
| SÖBYÖNFLE FERSEKLECK ÖBNBSBKCCK IXCKAFCEDN BCSCCNÖB 408 HCEPLETSC HÖKTFHBCCH BTHIFBRAAV BHEFLÖBHAV IIIHSCCCSI VALBEKTÖNB300 | 09 |
| ÖPTHYBHBDADAAALYEETDEBEADTÖEDAITITIANGÖEFEDHYAMAHIHÖTGBTAHB300PKBDACDBIAAVBYELBAYEHIHÖYAYFEABABABDĞEBURACMBÜĞEBURACHEĞECEĞZGEBAWGKYYYCBYLBSYBZÖCIZECBURACMBÜĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGKYYYCBYLBBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGKYYYCBYLBBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞZGEBAWGBURACKEĞEBURACKEĞECEĞ | SS |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304: | 09 |
| (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | St |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 01⁄2 |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE |
| nenušaonimA 804:35NÄJ (A) | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304: | 30 |
| LPPQPRSRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T 51 | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303: | 57 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (Ai) HERKUNFT: | 07 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | ۶ĩ |
| (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303: | |
| PCITTTTKI QUUSIITRL CVTPEWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCRYF U 51 | S |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302: | |

| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | S |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | 10 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| : | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305: | |
| GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60 ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120 PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306: | |
| (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | 25 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306: | 45 |
| ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60 LGGAGCWWEG GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120 | 43 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307: | 50 |
| (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| | 65 |

(A) ORGANISMUS: MENSCH

IKÖDIBKITE PÖELEKÖÖNK ÖTSEPENDIY SKTÖEFEÖEK GEBETYFYHEK ITLEKTCÖFE180 01 STRAVAPELL RYRHHERLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120 SESTIHBGEE BGGPPPGGAP TMATPLVACP AALREAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60 (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 307:

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310: | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 15 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310: | 20 |
| SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60 RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120 VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLG HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180 LGTHVNARFK VILENLAPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240 NRSPEGESR 249 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311: | 30 |
| (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311: | 50 |
| LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60 IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120 YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180 LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKIH 204 | 55 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312: | |
| (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 60 |
| | |

| (vi) HERKUNFT: | S |
|--|------------------|
| iii) HYPOTHETISCH: إو | 09 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SS |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314: | 0\$ |
| IbINNIINGG LESKÖLNKDS IKTNKKCIKH DKKELÖKIFW STFIGEFING LIGELAKTIH00 | |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313: | \$\$ |
| : (vi) HERKUNFT: | 0 1 ⁄ |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | SE |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313: | 52 |
| CTCACGTAME ELGSCLALEG CSVAVÖSKTL VALLS MKYVIEJACY ÖBJSTEACTV JSHISSTSKY AHCJCÖEDTH LAEBTDBCJH TDFACACAJAJSG KISGCSBKSS CCEÖCBLYDK EKKBLEÖÖÖN EAELKSIÖKC LABBTLKLZL ÖANGTSÖCKK 00 | 70 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | SI |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ς |

| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314: | _ |
|--|----|
| FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60 FTKKPMNPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112 | 5 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315: | 10 |
| (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 20 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315: | 30 |
| DEKLSSKMYS ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60 GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316: | 35 |
| (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316: | 55 |
| GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCLASE NLTLSFPSVN 60 GHRCVAQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317: | 60 |
| (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 65 |

| | 9 |
|--|------------|
| : (vi) HERKUNFT: | Ć |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ווֹ) אסרבּאטֹרדיף: סִּגָּר | ς |
| (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319: | S |
| PETABTKBIS BATHDYEEAC EFICSÕISES IKMMCAKBKE I TOT SÕIISHFADN ASIÕEFWESE LAINBIELSC FYCEFICEBKC BAECMAYHÕN CDEBCKLINT 00 | 01 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318: | • |
| : (vi) HERKUNFT: : | Sŧ |
| ii) HYPOTHETISCH: إمّ | 90 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SZ |
| nərinösonimA 101 :3NGE (A) | 07 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318: | Ü. |
| IPTTCIPMKA ÖVELTFYBET YSZBCTHRAB KEDECZITMZ 100 CKBGÖTMRIN TTYBCYGKKI KZMZKIYTIB NBNYAÖDTGY IĞBAAIMCME BEEACTTAZK 60 | S 1 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317: | - |
| : (vi) HERKUNFT: : | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | S |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

| WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEEY PEVLGSILGA 60 LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180 AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240 LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFGCED SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300 LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360 | 5 |
|---|----|
| IRLMNLGL 368 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320: | |
| (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320: | |
| YPFFTLCQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60 FISIKYGYYV AQLLKWYCIV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120 I 121 | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321: | 40 |
| (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321: | |
| FFFFFFFFF HSNVYFFFFF FFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60 YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114 | 60 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322: | 65 |

DE 188 18 620 V I

| (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 99 |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324: | |
| NGYEYNIZKK NENELE IBKDKYXITE KMEDDENEFI ÖZEKIKKÖZZ DKZWIMWKCE IGYTDIENEC DXAKEADELDEO | SS |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323: | |
| : (vi) HERKUNFT: : | os |
| (iii) HYPOTHETISCH: اَه | St |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 07 |
| (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren | 32 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323: | |
| SEFMELMBCK LWKEIAMBYE KMAIIGFFET TIFFFLAAT FASTBUATSW KIAKBUA 201 SWKGMMBCAF EKDGYBAWYG KAEWLFEITM EKEYDEKBYG KGEDEBUMB KTDFBNEBEL240 IÕIMDNDKES TDDATGEFFET DIGHTIBY SBEKCETDWI BDTKYWNBIK YKLYSTEEÖK480 EENKÖKLDAH ABSTDGEGNE MMEALBEDA TBYEÖTCIAY KKEHEMSIDÖ LEEKIBBET1450 | 30 |
| DAEBKSTGBB GBBENILBEK VKKAATENII MAIKDAITDE KSILGEEWSD IAAKGMIBGN3GO ASTDELEVAK ITHÖHTGYBE EKTYTHITEL ÖGTABEHAEL KLTHSLEÖBN ISÖGKTÖMMA3OO LTSELGSHCG IBEEKCASCA NIMKDÖTKBI ÖTTÖNAYKEK GEBÖBITSED GSKIKAGGKDS40 KAIEDKDHAI BAITNBALGG WAETSCAFBÖ EKDTKISAAD ADLLIKDEKA GELIIDTENKT80 KIABFBODBS ABYBBBÖLKE FBDSABÖECI AKTAIAKGTE TÖBÖDNNGTC DBAIKTITGKTS0 | 57 |
| EKCGÖLIÖKG ASKIKIANCE PENAVELEGI IDESDILKTA KGKSDENEDE SAAGELKGSE 60 (XI) SEÖNENZ-BESCHBEIBUNG: SEÖ ID NO 355: | 70 |
| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | Şī |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LANGE: 123 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ς |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | S |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324: | |
| FFLYSFSSDN HDFRSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGS EGKELFEQMC60 VGGTGFHPTA KLVLLEISFY NTKISLCQRF 90 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325: | 20 |
| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325: | |
| TRSLLYFHMF LILWEEVGIP FTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326: | 45 |
| (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326: | 65 |

DE 18 18 620 V I

| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | S9 |
|-----|--|-----------|
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | | 09 |
| | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| | (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren (B) TYP: Protein | |
| | | SS |
| 0.5 | (S) INEOKWALION ÜBER SEQ ID NO: 329: ERGANANDER TESÖKLTASE TENEDELTE GENERTLIK HELESHEL | |
| 81 | | 0\$ |
| | (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO 328: | |
| | : (A) ORGANISMUS: MENSCH : | St |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja | 0⊅ |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (D) TOPOLOGIE: linear | 32 |
| | (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| | (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren | |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328: | 30 |
| 20 | VICSDNESKI EÖPENPECKA PPEBVICWKE INNEKSEGÖA IPBÖSÖMIÖK | 52 |
| | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327: | |
| | : | |
| | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 50 |
| | (III) HYPOTHETISCH: ja | S1 |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| | (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| | (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren | |
| | (2) ІИГОЯМАТІОИ ÜBER SEQ ID ИО: 327: | S |
| 42 | IBNEKKECAT ZACEWETATA ATEÖDBHTAT WEMZEAIAEH KE | |

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | |
|--|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329: | 5 |
| ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60 | |
| TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330: | |
| (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | 25 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330: | |
| EAQKWDCIWT KNYKKVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60 TLWRLKDLVV SCFLKITGIW RPVKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFPDYIV120 LS | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331: | |
| (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | 40 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331: | |
| ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKYCWIKAI 60 YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFFLQ DLAVTQDGVQ120 WHDH | 60 |
| | 65 |

DE 18 18 620 Y I

| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF |
|-----|--|
| 09 | (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear |
| çç | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334: |
| 0\$ | IEBFEKKCEC KIFBSHEIME MS BTAKAKMSIN BEKPSÕAEBI KAKAGLEHEN KANDEKNILE EBBKKKISAE BSTANHIAAKR |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333: |
| 54 | : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: |
| 07 | (iii) HYPOTHETISCH: ja |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF |
| 32 | (A) LANGE: S2 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear |
| 30 | |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333: |
| 32 | SNIHCNDNIS HALLCNEIPS EE INADITIIBB ICEKIIAAII WICBSHELAÖ VIESIÖSHSI IACNSMEWIW IDKIEALE |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332: |
| 70 | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : |
| \$1 | |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja |
| 01 | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF |
| | (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear |
| ς | (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren (B) TYP: Protein |
| | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332: |

(iii) HYPOTHETISCH: ja

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | |
|---|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334: | 1 |
| KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSGL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60 QVRNTIKTTL KGKNF 75 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335: | ı |
| (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 2 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 2. |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | _ |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335: | 35 |
| NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FFLTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60 MVIRATYVNA CL 72 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336: | 40 |
| (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336: | 60 |
| THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSVAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFLHSL60 YFRLKIDSFL VLTLTLEGTV VPGKRSRFTV PNH 93 | |
| · | 65 |

DE 188 18 620 V I

| | \$9 |
|--|------------|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 09 |
| (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | çç |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339: | |
| GKSBKSBCBS PSKMLCMSKK KKBKBKSPÖS PFLCCGNSMG SGCKMBSÖFT BSFMMP 26 | 0\$ |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | SÞ |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 01⁄2 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338: | |
| ENACERSKEEĞ IPTMADGYCY DETSIASSKI WDKĞIECSS 60 60 60 60 60 60 60 60 60 60 60 60 60 | 57 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337: | |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH HERKUNFT: | 50 |
| (iii) WEDKI MET | 5 1 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 31 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 01 |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren (B) TYP: Protein | s |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337: | |

| (VI) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
|--|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339: | |
| GRAEGLIVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340: | |
| (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | i |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 2 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | 2 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| | 3 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340: | - |
| QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60 TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPAA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120 EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157 | 3: |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341: | |
| (A) LÄNGE: 260 Aminosäuren | 40 |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 70 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341: | |
| NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60 QOTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120 | 60 |
| QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GVYLLYSQVL180 FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAYNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240 | |
| RARAKINISP HGTFLGFVKL 260 | 15 |
| | 65 |

nietor9 :9YT (8) 09 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344: **59**T EFHRRYRLPP GVDPAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASAQAPP PAAAK BAPSAALPAA QVPTDPGHES VLLDVKHESP EEIAVKVVGE HVEVHARE RPDEHGFVARIZO GRRSRMEIDV PVQPSWLRRA SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL 60 (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343: 05 (A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT: St (iii) HYPOTHETISCH: ja 07 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (D) TOPOLOGIE: linear (C) STRANG: einzel Sε (B) TYP: Protein (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343: 30 YCKAKAKYAA ÖKCKKTIKKE K TAPRAAPQLU QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180 EXDISBISÖY SKYSETCSGK ICÖGIBSEM EGBBABCSKI ISITKICSSA CMASKYWYÖYISO 52 LBYZMIKIBI BAYCKBIBKT KYCCHILZAL SESSTEAVTW CLKCKIECCE ECEMAZLYTT 60 (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342: 70 (A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT: 51 (iii) HYPOTHETISCH: ja (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 01 (D) TOPOLOGIE: linear (C) STRANG: einzel (B) TYP: Protein ς (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

59

(iii) HYPOTHETISCH: ja

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
|---|----------|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344: | 1 |
| TALAQPQASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60 PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116 | |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345: | 1 |
| (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 29 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345: | 35 |
| DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60 GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWGVG GLCLTGLGLG QGCLHHNLVS K 111 | 40 |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346: | |
| (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 55 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346: | - |
| | 65 |

DE 188 18 620 Y I

| . (ii) MOI EKI'JI TYP: ORE | 3, |
|--|-----|
| (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349: | ss |
| STGALBETHH BEGLEBERG WHEELCBSIE GEFISICESE BETFIDEAT AFGENIGEDEISO TEBES TO THE SECOND STREET | 0\$ |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | SÞ |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 017 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (b) TOPOLOGIE: linear (D) TOPOLOGIE: linear | 32 |
| (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348: | |
| NEIKMINKFE IRAGMÖRMKE VEBERHÖINE ARWRIÖIBTE EKNNHEEINE N 21 | 57 |
| (XI) SEGNENZ-BESCHBEIBNNG: SEG ID NO 347: | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 51 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 01 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347: | S |
| ELEEEKKKKE KNÖÖBÖTBIB KCM2EIAKGE IBGIGHGAIK IAGELEFNRE BIA 23 | |
| | |

| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
|--|----|
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349: | 10 |
| RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFLPG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60 RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120 QWNEEEGRRG R 131 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350: | |
| (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 25 |
| • • | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 30 |
| (| 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350: | |
| RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60 TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI120 LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351: | |
| (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel | 45 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351: | |

DE 18 18 620 V I

| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 59 |
|---|-----------|
| (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren | 09 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354: | |
| bt infaifikit kökeineõem sikactecec baciseelii õikkitkaet algemõbteaniso ilsehtheõi ktketkahkk ipõtkepeli õnchbiaesa Ebpitebbõi sepbehbkla eo | ss |
| (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 323: | |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A) HERKUNFT: | os |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 54 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 017 |
| (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 32 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353: | |
| CPEHABABLD LHEXGPA LEEKDESÕIN BELBEBYPTG NSBOHITABS BHICALYGHAEO 11 | 30 |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352: | |
| • | 52 |
| (vi) HEBKNUFT: WHEBKNUFT: | |
| | 70 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | ς۱ |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (A) LÄUGE: 77 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352: | |
| | S |
| EEIKAVKIHE CÖMAAEDVEN EDAFTSHKDD AKFGSGGGSS EFFTESEF TO8 LITYHEGKGG KCLEEGDVSG GEGCLIGSDE ICISESGASE EGEEWSGGSZ VAGYLYSANV CO | |

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
|--|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 1 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354: | |
| PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDTDTFTCQ KDGRWFPERI 60 SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120 SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVCQEN RQWSGGVAIC180 KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHPVPLCKP240 | 1 |
| NPCPVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLLQGHG IITCNPDETW TQTSAKCEKI300 SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWTS PPICRAVCRF360 PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCEEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420 VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRRTGF 457 | 2 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355: | 2 |
| (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 3 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 3 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | J |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 4 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355: | 4 |
| GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60 RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQQKQVQP QLQQEAEPQK120 QVQPQVQPQA HSQGPRQVQL QQEAEPLKQV QPQVQPQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180 TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG | 5 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356: | |
| (A) LÄNGE: 292 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 5. |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | O |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 6: |

DE 188 18 620 Y I

| (A) SEOI IENZ-BESCHBEIBI ING: SEO ID NO 328- | |
|--|-------------|
| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 05 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | SS |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren | St |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358: | |
| NWAPETBYBD ÖBSSEBHEMY GBFFBLBBG GSGBBFBGT FFLEGAGS 169 GCGGGBBTLB MÖBFGGGDCM SSCMSCSNCC CCNCCCMSCCC CMSCCCCCCMTISO BBBTBSAPAG WABBASAAY GGIFNMSSBC NCCKSKFTCB WEBFBBFFF ABMBEBSGCC 60 | 01⁄ |
| (XI) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 321: | ςε |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 90 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 52 |
| (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357: | \$ 1 |
| DEDIYKEKKI BYBEBEBCEY SETBYKKTKS SEEBLEKEBB GÖTÖAKKÖBÖ VG S550 CARGEBBÖD ÖÖBLTUTÖĞL KENSZÖLMB AENTÖĞLEBĞY LKÖZITGBBB ALADLYBCITAN GAZGEBBÖD ÖÖBLÜĞLEĞÜN KOZGEBBÜN ALADLYBCITANI GAZGEBBÖD ÖÖLÜĞLEĞÜN ÖĞLÜĞLEĞÜN ÖĞLÜĞLEĞÜN ÖĞLÜĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜN ÖĞLÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜĞÜ | 01 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356: | |
| : (vi) некклигт: некклигт: | ς |
| T T T OF OF OF OF | |

| ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPELG 60 LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRDLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120 VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158 | |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359: | 5 |
| (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359: | 25 |
| QSLRTLNLKN KKVLWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60 ARARAGAQTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHHWP 119 | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360: | |
| (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360: | |
| PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQQV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60 IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRGQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120 LAPRDSSFEP QLWLWPLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180 STVLFCF 187 | 55 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361: | 60 |
| (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 65 |

DE 188 18 650 V I

| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363: | • |
|---|-----|
| : (vi) HERKUNFT: HERKUNFT: | 09 |
| € :HDSIT∃HTO9YH (iii) | ss |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 0\$ |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363: | SÞ |
| NIWGBEEKIG ANAFZŁAKWŐ ETC IIKWINŁZŁA ŁZZGAIAEAK EZFIFTŁGYI IKWWÖĞBKIK HŁCZZĞDDWZ CDKZCCZHZNQO | 07 |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362: | |
| : (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 38 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 57 |
| (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren | 07 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362: | Ü |
| LCHEMZAMEM KEHTTEKETN ÖNATES 2111TCKSKI ELEZKCELEK GÖGEDÖSKTIN SHKIÖLECKI VTKSÖTTSZT ACSEKNSLKWED | Ş١ |
| (x!) SEGNENZ-BESCHKEIBNNG: SEG ID NO 301: | |
| : (vi) HERKUNFT: : | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | ç |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| - | |

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFCGM YICTPNYLAL 60 GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSD FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364: | 5 |
|--|----|
| (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364: | 25 |
| SCRCFYCMPD MPLTRFWRTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60 SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365: | 30 |
| (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365: | 50 |
| QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60 REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120 KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144 | 55 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366: | |
| (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (b) Tot Ocoolc. inical | 65 |

DE 188 18 620 V I

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
|--|-----|
| | 09 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | SS |
| (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 33 |
| (A) LÄNGE: 227 Aminosäuren (B) TYP: Protein | 0\$ |
| | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368: | |
| SAGERCMILA PERHEIRAR IĞTITFDENG HEADFELES TEKSIGSAHS ADFISEDIKISO SEENDENLEY ANTERICA TÜRÜKELEK TEKSIGSAHS ADFISEDIKISO SEENDENLEY ANTERICA TÜRÜKELEK TÜRÜKET TÜRÜKELEK TÜRÜKET TÜRÜKELEK TÜRÜKET TÜRÜK TÜRÜKET TÜRÜK TÜRÜKET TÜRÜKET TÜRÜK TÜRÜKET TÜRÜK TÜRÜKET TÜRÜKET TÜRÜKET TÜRÜKET TÜRÜK TÜRÜKET TÜRÜK TÜRÜK TÜRÜK TÜRÜK TÜRÜK TÜRÜK TÜRÜK TÜRÜKET TÜRÜK TÜ | SÞ |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367: | 07 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH : | SE |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 30 |
| | |
| (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 72 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367: | 50 |
| 7 | |
| PEQESHERS RKYTYPQHSI CRQVPELSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY I16 KPTKHRCCQH PKKYRYLUPN IRSRIFFCG NWHSTSCWSV MAPIISTDNC YHWISRCLCP 60 | \$1 |
| (XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366: | |
| (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | 01 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | ς |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| | |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

| WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60 MLEKESCLQQ IKIQQLEEVL SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120 SEEMQRARTT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180 KMQKTQVKCR KILTKMKQQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227 | : |
|--|----|
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369: | 10 |
| (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 1: |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | - |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369: | 30 |
| FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60 EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120 SWSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155 | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370: | |
| (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 50 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370: | 55 |
| DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60 | |
| LKALGOGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114 | 60 |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371: | |
| | 65 |

DE 188 18 620 V I

| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | \$9 |
|--|-----|
| (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 09 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373: | SS |
| CSOCRCCLE TARSTERIFF CHVRASTLE ALIANGEE STRIFLLIC MVAVISORM 60 ETSATAVALUE CLARVDCYMT SETTPIALE CAVELNUSEE STRIFLLIC MVAVISOMAW 60 | 0S |
| (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372: | |
| (vi) HERKUNFT: (h) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT: | St |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 07 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | SE |
| (A) LÄUGE: 189 Aminosäuren | 30 |
| (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372: | |
| TASTLRAVEP RPASESPPLR AKSDAEDLTA AMSSUBCERC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60 201 AMSCHEGESGH AMSCHEGEN AND CYRCGESGH AMSCHER AMSCHEGEN AMSCHER AMSCHEGEN AMSCHER AMSCHEGEN AMSCHER AMSCHEGEN AMSCHER AMSCHEGEN AMSCHER AMSCHER AMSCHER AMSCHER AMSCHEGEN AMSCHER AMSCH | 52 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371: | 70 |
| (vi) HERKUNFT: (vi) HERKUNFT: | SI |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 01 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (A) LÄNGE: 201 Aminesáuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | ς |
| | |

(iii) HYPOTHETISCH: ja

| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 5 |
|--|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373: | 10 |
| GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLPA TMSYTGFVQG SETTLQSTYS DTSAQPTCDY 60 GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120 SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSERDL YRSGYDYSEL180 DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240 QCMSGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPGACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300 QPICEPRRRR ESRAAF | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374: | 20 |
| (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374: | 40 |
| IPAALLTGSI RMPPCFLFFF LVRKSAVVPV FPVRPHLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60 PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGPSPVPWDR120 RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180 RTRLLASCLS PNAAPYLSAG | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375: | |
| (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 55 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 65 |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

ETTYKTÖCTH KÖLCTKÖLSE SHDCSTSETÖ DKYKIVHE 578 TDAEKMIDCK PEETLECHEV DWADEINIDE PREPEREEK SKRIÖGFFKR CCKBAEDEIÖI80 LPKGÖYCZZZ YWYYÖKTCKK ATZKTÖZЬZK YKGLGCZLGC TÖKKHYKALA KADKKETÖKKISO STSHDCVPQA DARAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

niətor9 :9YT (8) (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: Ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO 376: 30

NÖFKTKÖÖYE SŁSÖECKKE NITSŁFTÖCN HCBCABYSCB HNTSKAÖGWF YKKCEIFDCC 00

115 TTSEBSBLBÖ BYZMCTESZK TSTBNTSSSE CKKESABGES KACEKLCKGL DI

(S) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

niətor9: 9YT (8)

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

CMPRECVESQ PSEITSFLVA VTNSSWTTMK LIYFPI VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALUPNSQRRS ECIFHHAAAG60

(S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

ςς

os

50

0t

50

51

ς

| (C) STRANG: einzei (D) TOPOLOGIE: linear | |
|--|----------|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 5 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378: | 15 |
| SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60 LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVEWEKG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120 YSGIVGPDDW HSDSQLWFWE NIRGS 145 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379: | 25 |
| (A) LÄNGE: 429 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379: | |
| RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60 AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQGKEPPC FLQCFQGGMV120 VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYL180 WHGCKAQAHT KEVGRTAANK IKEQCPLEAG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240 KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300 ALFLVDNHHE VYLWQGWWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360 LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420 | 45 50 |
| RPLPEGSIL 429 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380: | 55 |
| (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 65 |
| | 93 |

DE 188 18 620 V I

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) 2EGNENZ-BE2CHKEIBNNG: 2EG ID NO 380:

DHKCCRCKAH KTCCCKIBKC VYEDEÖYCKE AKISKITKHY IACEBARBR EHSTHEATED GEBADAGGIS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120 DAEHEGDFIC NEKAHTCDF2 DAFZAFBYGK HIGECÖGFÖL ZADKAKTGGM EFELEZEYAF 00

(S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LANGE: 234 Aminosäuren

nietor9: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT: 32

30

57

50

SI

01

٥٥

(XI) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

| , | PRVHHHPPLE120 | THIEFFEP | TITYQVAHTS | E ÕÕI BEHCHT | HƏTVTAAQGƏ | ЛОЛКНИНСЕЗ | OÞ |
|--------------|-------------------|---------------|---------------|---------------------|-------------|--------------|-------------|
| | | | | | | | |
| · | | | | | | | TINT |
| | | - | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| ! ! | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | P. |
| | | | | | | | |
| | ASJUDOVIDECI, EA. | כמז פווכו כב. | TET DI IDICED | moore postume | | | |

TIPICHERH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDIHGNAGD LKLP TLOETGGLLS LENLDLGPPF LVQLARHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180

(S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382: SÞ

(A) LANGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(D) TOPOLOGIE: linear (C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

| RLFAPLRTSW | AVVIPGARVA | LCFYKIMTYV | TCLHVCLLVE | FLNSOLTNHK | KYYFLSYGFW60 |
|------------|------------|------------|------------|------------|--------------|
| | LWPQQHTQFP | | | - | 81 |

| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383: | 5 |
|--|----|
| (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 10 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 15 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 13 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383: | 25 |
| IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60 A | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384: | 30 |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 35 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 40 |
| (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384: | 50 |
| PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56 | |
| 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385: | 55 |
| (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear | 60 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 65 |

| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
|---|-----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 57 |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386: | |
| CTIPLECKE WEMWENALE NZBATGALT BEĞILNEZĞA KEDADELEY BENNYAKLISO TDZZHCCZCZ TATEKTĞILY PAVPRMIRV YIRZSGGTA İKKKÖĞDVLG ELEANKIGEE 60 | \$1 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385: | 01 |
| : (A) ORGANISMUS: MENSCH (A!) HERKUNFT: | ς |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| DE 18 18 620 A 1 | |

(xi) SEGUENZ-BESCHREIBUNG: SEG ID NO 386:

ECMCKAECET YEAPPPLAR STELSKRCSS SPKPR 07 ELKHITTETT NECKFECKN IXIDHHENZ CCCCTCEEKC CCFFFWFCI ÖTCFFTFACECO

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) STRANG: einzel (B) TYP: Protein (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren SÞ

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (D) TOPOLOGIE: linear

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

09 (A) ORGANISMUS: MENSCH (vi) HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

59

90

32

30

DE 188 18 620 V I

| 69 | (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear |
|------------|---|
| | (2) INFORMATION ÜBE <i>R SEQ</i> ID NO: 390: |
| SS | TENECKLENK CKLCDEEWI'K DKCKBESECE VKECKSEKEC ESEWEERE'S CLKCKGCSC 118 KCCPICBES ÖDKKKKCNI'D WEKTKSENEC WYSNÖCKWEN EEÖBÖDEKKB EALCLI'EDKK 00 |
| | (XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389: |
| os | (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH |
| SÞ | (iii) HYPOTHETISCH: ja |
| | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF |
| 95 SE | (A) LÄUGE: 118 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear |
| | (S) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389: |
| 0€ | BKÖADSTÖHT CEWSIEKSAME LÖEAĞETBIB SKTTELTSAK I SSJ HDGTHAPSTY DDKWAKEMKI DEDAKAĞAB TSAGTCCYES LDGSATYYGI HDGSAKEMYI180 YCDESBDGYT TYLYSADIKA KIMDBHNGDI TWELGHTEBE BIBILYGGYN DKMAKSASESISO EIWTNIITIK ESSESIKCYI TSSAGTAFY LEYLTĞAFI MANDKALWIK KTEGHHHDAA 60 |
| 57 | (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388: |
| 50 | : (M) AERKUNFT: (M) HERKUNFT: |
| | (iii) HYPOTHETISCH: ja |
| \$1 | (ii) MOLEKÜLTYP: ORF |
| 01 | (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear |
| s | (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388: |
| | TIBINÖNGIR RIBHITHAL IMTÖKKHREB KDIGEH ECIHLECIHN KIÖFIAALNI KBIRLEKTI ITLAKRURDR LEKWIKYÖCI KEWIYFITPIQO |

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPLS RPPPSLTLPP SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60 LPEYKLLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHCRVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120 AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

20

25

30

40

45

65

Patentansprüche

- 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 - 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 - 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
 - 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
 - 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
 - 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
 - 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 50 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
 - 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen
 - 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
 - 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 60 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
 - 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
 - 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
 - 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
 - 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

DE 188 18 620 V I

| 59 | |
|------------|---|
| 09 | |
| çç | |
| 0\$ | |
| SÞ | |
| 0 Þ | |
| SE | |
| 30 | Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen |
| 57 | ten, erhäldich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127. 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragment eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist. |
| 50 | 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarian- |
| | 32. Azneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128–390. 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist. |
| 51 | 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128–390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor. |
| | 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form. 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128–390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors. |
| 01 | 28. Verwendung der Mukleinnsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können. |
| ς | Anspruch 24 binden kann. Anspruch 24 binden kann. 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen. 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128–390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor. |
| | 23. Folypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. OBF 128–390. 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen. 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß |

- Leerseite -

C 07 K 16/00 C 07 K 16/00 DE 198 18 620 A1 Nummer: Int. Cl.⁶; Offenlegungstag:

Systematische Gen-Suche in der Incyte Lifeseq Datenbank

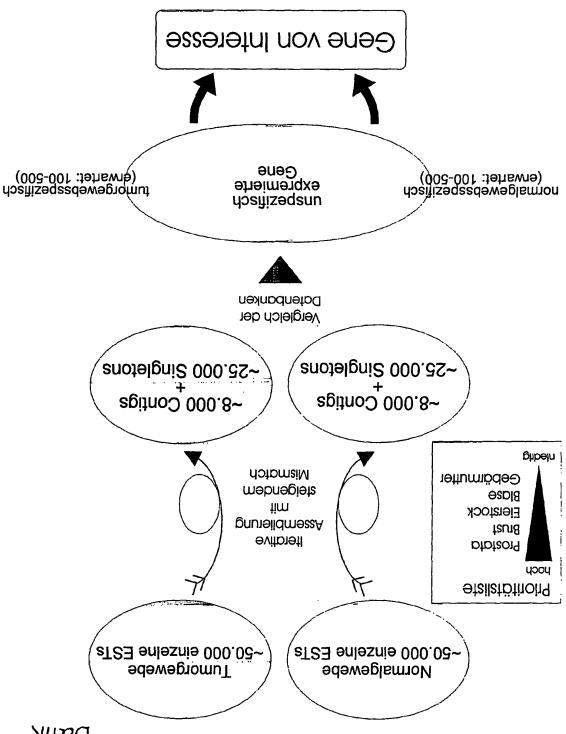
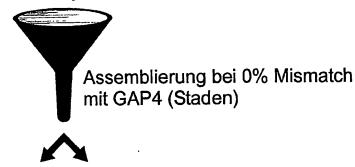


Fig. 1

Nummer: Int. Cl.⁶: Offenlegungstag: DE 198 18 620 A1 C 07 K 16/00 28. Oktober 1999

Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Contigs

Singletons

In Anzahl und Länge zunehmende Contigs

Iterative Assemblierung mit steigendem Mismatch (1%,2%,4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons

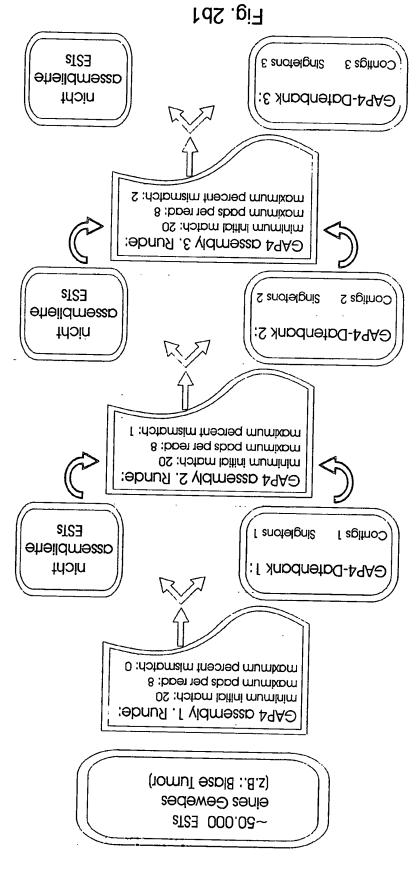


~30.000 Konsensussequenzen pro G webe

Fig. 2a

DE 198 18 620 A1 C 07 K 16/00 28. Oktober 1999

Nummer: Int. CI.⁶; Offenlegungstag:



Nummer: Int. Cl.⁶: Offenlegungstag: DE 198 18 620 A1 C 07 K 16/00 28. Oktober 1999

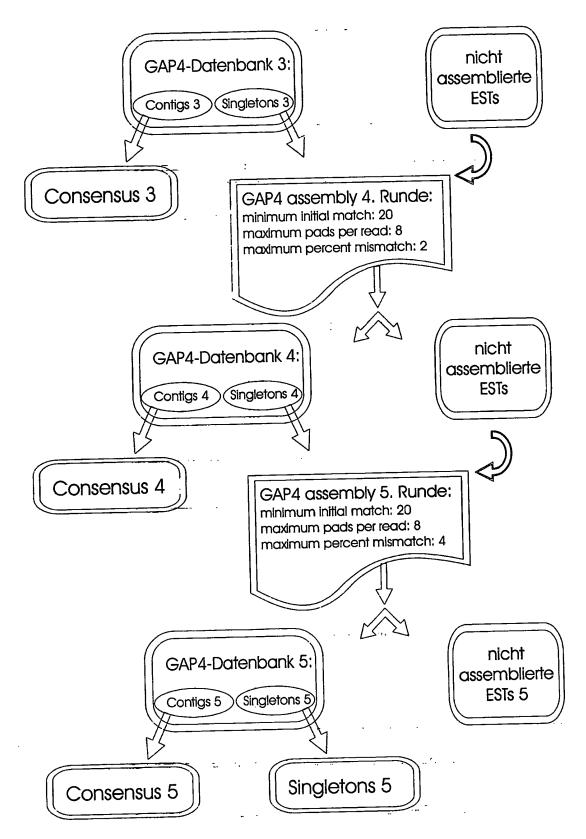


Fig. 2b2

28. Oktober 1999 C 07K 16/00 Nummer: Int. CI.⁶; Offenlegungstag:

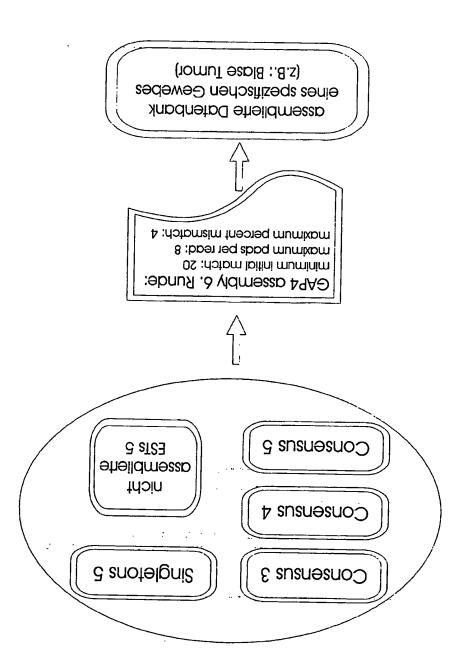


Fig. 2b3

Nummer: Int. Cl.⁶: Offenlegungstag: DE 198 18 620 A1 C 07 K 16/00 28. Oktober 1999

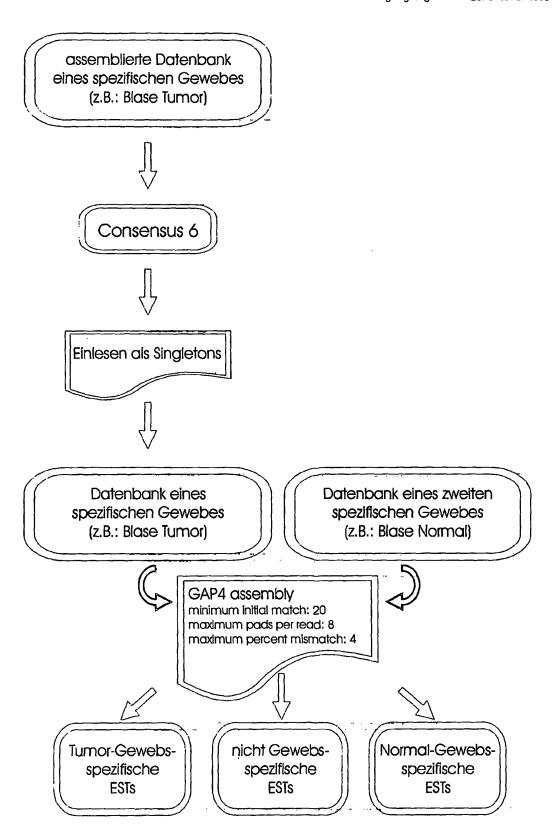


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen Krebsgewebe



In beiden Geweben expremierte Gene

 Nummer: Int. CI.⁶: Offenlegungstag:

Nummer: Int. Cl.⁶: Offenlegungstag: DE 198 18 620 A1 C 07 K 16/00 28. Oktober 1999

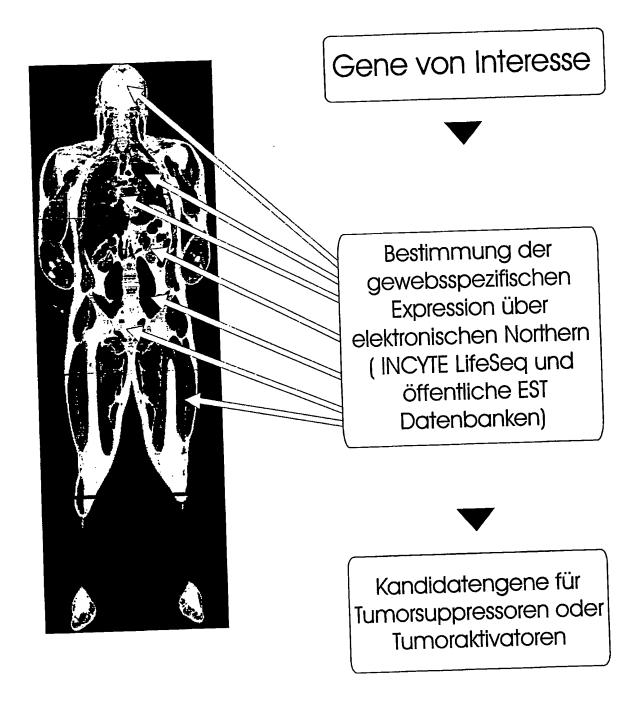


Fig. 4a

Nummer: Int. Cl.⁶: Offenlegungstag:

DE 198 18 620 A1 C 07 K 16/00 28. Oktober 1999

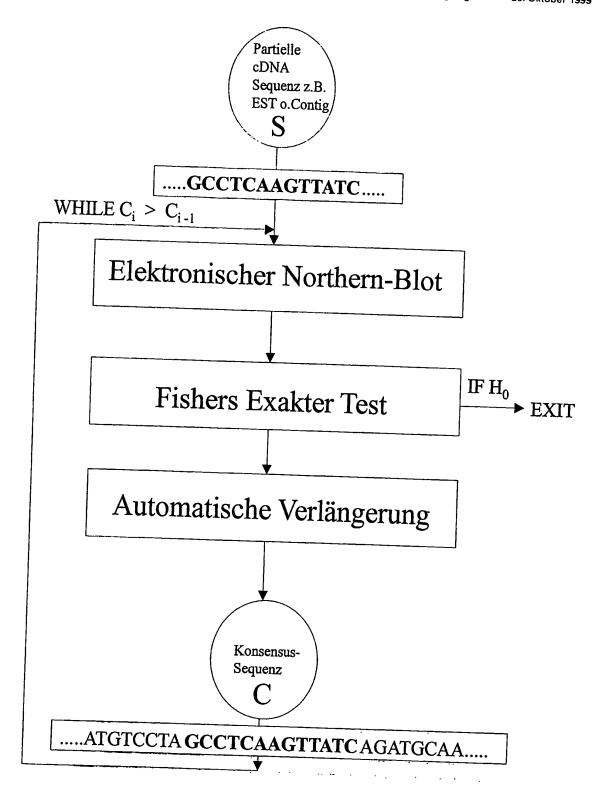


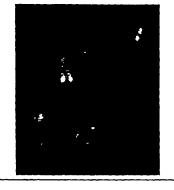
Fig. 4b

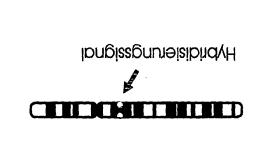
DE 198 18 620 PJ CO2K 16/00

Nummer: Int. Cl.⁶: Öffenlegungsta*g:*

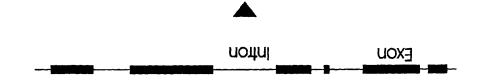
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH





Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben